



⑮ BUNDESREPUBLIK  
DEUTSCHLAND



DEUTSCHES  
PATENT- UND  
MARKENAMT

⑫ **Offenlegungsschrift**  
⑩ **DE 198 18 620 A 1**

⑦① Aktenzeichen: 198 18 620.7  
⑦② Anmeldetag: 21. 4. 98  
⑦③ Offenlegungstag: 28. 10. 99

⑤ Int. Cl.<sup>6</sup>:  
**C 07 K 16/00**  
C 07 K 14/435  
A 61 K 38/17  
C 07 H 21/04  
C 12 N 15/11  
C 12 N 15/63  
C 12 N 1/21  
C 12 N 1/19  
C 12 N 5/10  
// (C12N 1/21, C12R  
1:19)G01N 33/68,  
33/15

DE 198 18 620 A 1

⑦① Anmelder:  
metaGen Gesellschaft für Genomforschung mbH,  
14195 Berlin, DE

⑦④ Vertreter:  
Klose, W., Dipl.-Chem.Dr.rer.nat., Pat.-Ass., 13505  
Berlin

⑦② Erfinder:  
Rosenthal, André, Prof. Dr., 10115 Berlin, DE;  
Specht, Thomas, Dr., 12163 Berlin, DE; Hinzmann,  
Bernd, Dr., 13127 Berlin, DE; Schmitt, Armin, Dr.,  
14197 Berlin, DE; Pilarsky, Christian, Dr., 14532  
Stahnsdorf, DE; Dahl, Edgar, Dr., 14480 Potsdam,  
DE

Die folgenden Angaben sind den vom Anmelder eingereichten Unterlagen entnommen

⑤④ Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Blase-Normal

⑤⑦ Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen -  
mRNA, cDNA, genomische Sequenzen - aus Blasenor-  
malgewebe, die für die Genprodukte oder Teile davon ko-  
dieren, und deren Verwendung beschrieben.  
Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen  
Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.

DE 198 18 620 A 1

Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Blasennormalgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung.

Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.

Eine der Hauptkrebstodesursachen ist der Blasen tumor, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z. B. Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes, führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.

Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z. B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die experimentelle Herangehensweise sehr.

Für die Suche nach Kandidatengen, d. h. Genen, die im Vergleich zum Tumorgewebe im normalen Gewebe stärker exprimiert werden, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von cDNAs, d. h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z. T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie repräsentieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind. Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.

Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebetyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig. 3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehendst vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1-2b4 dargestellt.

Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1-127 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Blasen tumor eine Rolle spielen.

Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID Nos. 24-127.

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq ID Nos. 24-127.

b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen

oder

c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos. 24-127 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 127, die im Blasennormalgewebe erhöht exprimiert sind.

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID Nos. 1-127 hybridisieren.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID Nos. 1-127 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kasette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

In der Literatur sind ist eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs,  $\phi$ X174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrec99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia), 2. eukaryontische, wie z. B. pWlneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte



Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda P<sub>R</sub>, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.

Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren. Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen ORF ID Nos. 128-390.

Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der ORF ID Nos. 128-390 aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtete sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID 127 kodiert werden.

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale und Phage-Display-Antikörper zu verstehen.

Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen ORF ID Nos. 128-390 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Blasen-tumor verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1-127 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Blasen-tumor verwendet werden können.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen ORF ID No. 128-390 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung gegen den Blasen-tumor, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Blasen-tumor.

Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz ORF ID No. 128-390 enthalten.

Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1-127, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/oder Enhancern.

Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) Seq. ID. No. 1-127 werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).

Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 127, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

#### Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

Nukleinsäuren = Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollständigen cDNA und genomische Gene (Chromosomen).

ORF = Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.

Contig = eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus)

Singleton = ein Contig, der nur eine Sequenz enthält

#### Erklärung zu den Alignmentparametern

minimal initial match = minimaler anfänglicher Identitätsbereich

maximum pads per read = maximale Anzahl von Insertionen

maximum percent mismatch = maximale Abweichung in %

## Erklärung der Abbildungen

**Fig. 1** zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.

**Fig. 2a** zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung

**Fig. 2b1-2b4** zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung

**Fig. 3** zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

**Fig. 4a** zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.

**Fig. 4b** zeigt den elektronischen Northern

**Fig. 5** zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken

## Beispiel 1

## Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengen

Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

**Fig. 2b1-2b4** veranschaulicht die Verlängerung der Blasengewebs ESTs.

Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (**Fig. 3**). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.)

Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet. Sämtliche, die Auswertung der assemblierten Sequenzen betreffenden Programme, wurden selbst entwickelt.

Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. **Beispiel 2.1**) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. **Fig. 4a** und **Fig. 4b**). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. **Beispiel 3**). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

## Beispiel 2

## Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster

Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. **Fig. 4b**).

## 2.1 Elektronischer Northern-Blot

Zu einer partiellen DNA-Sequenz S, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) J. Mol. Biol., 215, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schättler, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) Nucleic Acids Research 25 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 85 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebe-spezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz S werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

## 2.1.1

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 1 gefunden, die 12,2 .x stärker im normalen Blasengewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 1

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0312	0.0026	12.203 0.0819	5
Brust	0.0064	0.0056	1.1342 0.8817	
Duennndarm	0.0092	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0060	0.0156	0.3838 2.6058	
Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0201	0.3396 2.9444	
Gastrointestinal	0.0096	0.0000	undef 0.0000	10
Gehirn	0.0111	0.0226	0.4909 2.0372	
Haematopoetisch	0.0107	0.0379	0.2823 3.5422	
Haut	0.0147	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0095	0.0000	undef 0.0000	
Herz	0.0053	0.0000	undef 0.0000	15
Hoden	0.0173	0.0234	0.7380 1.3551	
Lunge	0.0083	0.0184	0.4516 2.2144	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0230	0.0000 undef	
Muskel-Skelett	0.0120	0.0120	0.9994 1.0006	
Niere	0.0081	0.0274	0.2974 3.3626	20
Pankreas	0.0083	0.0110	0.7479 1.3371	
Penis	0.0120	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0044	0.0106	0.4095 2.4423	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef	25
Uterus_Myometrium	0.0152	0.0204	0.7482 1.3366	
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0036			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			30
Weisse_Blutkoeperchen	0.0139			
Cervix	0.0000			
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			35
Entwicklung	0.0000			
Gastrointestinal	0.0083			
Gehirn	0.0063			
Haematopoetisch	0.0157			
Haut	0.0000			40
Hepatisch	0.0000			
Herz-Blutgefuesse	0.0107			
Lunge	0.0253			
Nebenniere	0.0507			
Niere	0.0000			45
Placenta	0.0182			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0377			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			50
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0000			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0051			55
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0035			
Gastrointestinal	0.0122			
Haematopoetisch	0.0171			
Haut-Muskel	0.0065			60
Hoden	0.0077			
Lunge	0.0082			
Nerven	0.0090			
Prostata	0.0068			
Sinnesorgane	0.0000			65
Uterus_n	0.0042			

In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northern gefunden:

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 2

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0741	0.0102	7.2459	0.1380
	Brust	0.0102	0.0038	2.7221	0.3674
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0052	0.0061	0.8467	1.1810
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
20	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428
	Penis	0.0120	0.0267	0.4493	2.2259
	Prostata	0.0109	0.0064	1.7060	0.5862
	Uterus Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0278
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefasse	0.0000
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0042

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 3

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0585	0.0153	3.8136	0.2622	5
Brust	0.0064	0.0000	undef	0.0000	
Duenn darm	0.0184	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0204	0.0100	2.0377	0.4907	
Gastrointestinal	0.0077	0.0046	1.6567	0.6036	10
Gehirn	0.0059	0.0092	0.6400	1.5626	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef	
Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0173	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0104	0.0020	5.0803	0.1968	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0217	0.0068	3.1722	0.3152	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0654	0.0362	1.8064	0.5536	
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0204	0.3741	2.6732	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.1908	0.0000	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0803				
Samenblase	0.0178				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0106				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 4

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0351	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duendarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
35		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Hert-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus n	0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 5

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N	
Blase	0.0156		0.0000		undef	0.0000	5
Brust	0.0077		0.0075		1.0208	0.9796	
Duennndarm	0.0092		0.0165		0.5561	1.7982	
Eierstock	0.0150		0.0182		0.8223	1.2161	
Endokrines_Gewebe	0.0051		0.0025		2.0377	0.4907	
Gastrointestinal	0.0057		0.0000		undef	0.0000	10
Gehirn	0.0081		0.0072		1.1314	0.8839	
Haematopoetisch	0.0027		0.0000		undef	0.0000	
Haut	0.0037		0.2542		0.0144	69.2517	
Hepatisch	0.0048		0.0065		0.7353	1.3600	
Herz	0.0042		0.0275		0.1542	6.4853	15
Hoden	0.0058		0.0000		undef	0.0000	
Lunge	0.0042		0.0061		0.6774	1.4763	
Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0000		undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0034		0.0000		undef	0.0000	
Niere	0.0027		0.0000		undef	0.0000	20
Pankreas	0.0033		0.0110		0.2991	3.3428	
Penis	0.0060		0.0267		0.2246	4.4517	
Prostata	0.0065		0.0085		0.7677	1.3026	
Uterus_Endometrium	0.0000		0.0000		undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000		0.0068		0.0000	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0064						
Prostata-Hyperplasie	0.0000						
Samenblase	0.0000						
Sinnesorgane	0.0000						
Weisse_Blutkoerperchen	0.0043						30
Zervix	0.0106						
FOETUS							
	%Haeufigkeit						35
Entwicklung	0.0000						
Gastrointestinal	0.0028						
Gehirn	0.0125						
Haematopoetisch	0.0118						40
Haut	0.0000						
Hepatisch	0.0000						
Herz-Blutgefuesse	0.0000						
Lunge	0.0108						
Nebenniere	0.0000						
Niere	0.0000						45
Placenta	0.0000						
Prostata	0.0000						
Sinnesorgane	0.0251						
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN							
	%Haeufigkeit						50
Brust	0.0136						
Eierstock_n	0.1595						
Eierstock_t	0.0152						55
Endokrines_Gewebe	0.0000						
Foetal	0.0105						
Gastrointestinal	0.0000						
Haematopoetisch	0.0114						
Haut-Muskel	0.0259						60
Hoden	0.0000						
Lunge	0.0164						
Nerven	0.0120						
Prostata	0.0205						
Sinnesorgane	0.0077						
Uterus_n	0.0167						65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 6

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0390	0.0026	15.2544	0.0656
	Brust	0.0460	0.0056	8.1663	0.1225
	Duennndarm	0.0123	0.0331	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0050	2.3774	0.4206
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0052	0.0072	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0294	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0065	2.2059	0.4533
15	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0240	0.4283	2.3347
20	Niere	0.0516	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.1087			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0319			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0557
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefasse	0.0498
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0251

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0272
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0116
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0194
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0151
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0208



# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 7

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0351	0.0026	13.7290	0.0728	5
Brust	0.0051	0.0038	1.3611	0.7347	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0057	0.0046	1.2425	0.8048	10
Gehirn	0.0044	0.0000	undef	0.0000	
Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.0021	0.0137	0.1542	6.4853	15
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef	
Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef	
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0035				30
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0063				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0062				45
Placenta	0.0061				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0047				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0065				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0040				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0042				65

## DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 8

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duendarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0022	0.0051	0.4320	2.3149
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0041	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0043	1.5354	0.6513
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032	0.0000	undef	undef
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0040
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0083

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 9

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0273	0.0026	10.6781	0.0936	5
Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347	
Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0060	0.0052	1.1513	0.8686	
Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072	10
Gehirn	0.0037	0.0051	0.7200	1.3890	
Haematopoetisch	0.0000	0.0379	0.0000	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef	15
Lunge	0.0042	0.0020	2.0321	0.4921	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8567	1.1673	
Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000	20
Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef	
Prostata	0.0000	0.0085	0.0000	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0030				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0052				30
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0036	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	45
Placenta	0.0061	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0101	
Endokrines_Gewebe	0.0490	55
Foetal	0.0017	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0114	
Haut-Muskel	0.0194	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0040	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0000	65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 10

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0273	0.0051	5.3391	0.1873
	Brust	0.0115	0.0038	3.0624	0.3265
	Duendarm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0050	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0037	0.0041	0.8999	1.1112
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0042	0.0061	0.6774	1.4763
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0085	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0254
45	Niere	0.0124
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0126

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0272
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0203
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0047
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0228
60	Haut-Muskel	0.0130
	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0080
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0083

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 11

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0195	0.0026	7.6272	0.1311	5
Brust	0.0051	0.0019	2.7221	0.3674	
Duendarm	0.0123	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0030	0.0104	0.2878	3.4745	
Endokrines_Gewebe	0.0221	0.0226	0.9811	1.0192	
Gastrointestinal	0.0057	0.0231	0.2485	4.0241	10
Gehirn	0.0074	0.0082	0.8999	1.1112	
Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0259	0.0000	undef	
Herz	0.0074	0.0137	0.5397	1.8529	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0062	0.0082	0.7621	1.3122	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0136	0.0137	0.9913	1.0088	20
Pankreas	0.0066	0.0110	0.5983	1.6714	
Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0131	0.0043	3.0709	0.3256	
Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef	
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0096				
Prostata-Hyperplasie	0.0089				
Samenblase	0.0178				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				30
Zervix	0.0106				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0056	
Gehirn	0.0125	
Haematopoetisch	0.0039	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0072	
Nebenniere	0.0254	
Niere	0.0185	45
Placenta	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0099	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0065	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0082	
Nerven	0.0100	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0077	
Uterus_n	0.0125	65

## DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 12

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0858	0.0358	2.3971	0.4172
	Brust	0.0435	0.0338	1.2854	0.7779
	Duennndarm	0.0276	0.0165	1.6683	0.5994
	Eierstock	0.0120	0.0182	0.6579	1.5201
	Endokrines_Gewebe	0.0290	0.0176	1.6496	0.6062
10	Gastrointestinal	0.0594	0.0231	2.5679	0.3894
	Gehirn	0.0333	0.0657	0.5062	1.9754
	Haematopoetisch	0.0134	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0514	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0381	0.0129	2.9412	0.3400
15	Herz	0.0413	0.0275	1.5034	0.6652
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0384	0.0164	2.3497	0.4256
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0307	0.9454	1.0578
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0360	0.5235	1.9102
20	Niere	0.0217	0.0548	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0132	0.0166	0.7977	1.2536
	Penis	0.0779	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0632	0.0447	1.4136	0.7074
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0068	3.3668	0.2970
	Uterus_allgemein	0.0306	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0416			
	Prostata-Hyperplasie	0.0595			
	Samenblase	0.0712			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0426			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0250
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0118
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0108
	Nebenniere	0.1014
45	Niere	0.0185
	Placenta	0.0242
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0628

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.1293
	Eierstock_n	0.1595
	Eierstock_t	0.0101
55	Endokrines_Gewebe	0.0490
	Foetal	0.0338
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0162
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0301
	Prostata	0.0410
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0624

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 13

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0468	0.0077	6.1018	0.1639	5
Brust	0.0294	0.0075	3.9130	0.2556	
Duendarm	0.0184	0.0165	1.1122	0.8991	
Eierstock	0.0090	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0050	1.6981	0.5889	
Gastrointestinal	0.0192	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0059	0.0062	0.9599	1.0417	
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0808	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef	
Herz	0.0540	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0156	0.0082	1.9051	0.5249	
Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0077	2.5211	0.3967	
Muskel-Skelett	0.1216	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0000	0.0274	0.0000	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef	
Penis	0.1587	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0087	0.0106	0.8189	1.2211	
Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0457	0.0272	1.6834	0.5940	25
Uterus_allgemein	0.0357	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0160				
Prostata-Hyperplasie	0.0208				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				
Zervix	0.0426				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 14

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0351	0.0026	13.7290	0.0728
	Brust	0.0102	0.0075	1.3611	0.7347
	Duendarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0026	3.4538	0.2895
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0233	0.0137	1.6961	0.5896
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0135	0.0041	3.3022	0.3028
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0634	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0359	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0218	0.0043	5.1181	0.1954
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0139
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0071
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0507
45	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0136
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0029
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0181
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0583



# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 15

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.1209	0.0383	3.1526 0.3172	5
Brust	0.0333	0.0338	0.9830 1.0173	
Duenndarm	0.0215	0.0662	0.3244 3.0827	
Eierstock	0.0180	0.0234	0.7675 1.3029	
Endokrines_Gewebe	0.0460	0.0802	0.5731 1.7448	
Gastrointestinal	0.0096	0.0231	0.4142 2.4145	10
Gehirn	0.1464	0.2382	0.6144 1.6275	
Haematopoetisch	0.0174	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0551	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0904	0.2006	0.4507 2.2189	
Herz	0.0307	0.1924	0.1597 6.2617	15
Hoden	0.0345	0.0234	1.4759 0.6775	
Lunge	0.0177	0.0286	0.6169 1.6210	
Magen-Speiserohre	0.0193	0.0460	0.4202 2.3799	
Muskel-Skelett	0.0891	0.0240	3.7122 0.2694	
Niere	0.0081	0.0411	0.1983 5.0439	20
Pankreas	0.0248	0.0331	0.7479 1.3371	
Penis	0.0689	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0327	0.0106	3.0709 0.3256	
Uterus_Endometrium	0.0270	0.1583	0.1707 5.8579	25
Uterus_Myometrium	0.0152	0.0408	0.3741 2.6732	
Uterus_allgemein	0.0866	0.0954	0.9074 1.1021	
Brust-Hyperplasie	0.0288			
Prostata-Hyperplasie	0.0386			
Samenblase	0.4183			
Sinnesorgane	0.0588			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			30
Zervix	0.0426			

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0111	
Gehirn	0.0063	
Haematopoetisch	0.0079	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0071	
Lunge	0.0108	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0185	45
Placenta	0.0242	
Prostata	0.1247	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0012	
Gastrointestinal	0.0244	
Haematopoetisch	0.0057	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0164	
Nerven	0.0100	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0125	65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 16

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0390	0.0051	7.6272	0.1311
	Brust	0.0141	0.0075	1.8715	0.5343
	Duendarm	0.0215	0.0165	1.2976	0.7707
	Eierstock	0.0000	0.0078	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0170	0.0577	0.2953	3.3861
10	Gastrointestinal	0.0172	0.0324	0.5325	1.8779
	Gehirn	0.1294	0.0318	4.0643	0.2460
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0138	0.0275	0.5011	1.9955
	Hoden	0.0230	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0166	0.0164	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0077	3.7816	0.2644
	Muskel-Skelett	0.0240	0.0120	1.9989	0.5003
20	Niere	0.0163	0.0137	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0099	0.0055	1.7949	0.5571
	Penis	0.0539	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0174	0.0128	1.3648	0.7327
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0588			
30	Weisse_Elutkoerperchen	0.0173			
	Zervix	0.0000			
		FOETUS			
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.1376			
	Haematopoetisch	0.0039			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0253			
	Nebenniere	0.0000			
45	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0093			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0399			
	Haut-Muskel	0.0097			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0442			
	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 17

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0273	0.0026	10.6781 0.0936	5
Brust	0.0307	0.0038	8.1663 0.1225	
Duendarm	0.0061	0.0165	0.3707 2.6973	
Eierstock	0.0030	0.0000	undef 0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000 undef	
Gastrointestinal	0.0249	0.0000	undef 0.0000	10
Gehirn	0.0015	0.0010	1.4399 0.6945	
Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0367	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000 undef	
Herz	0.0148	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0058	0.0000	undef 0.0000	15
Lunge	0.0062	0.0020	3.0482 0.3281	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0274	0.0000	undef 0.0000	
Niere	0.0000	0.0000	undef undef	
Pankreas	0.0050	0.0000	undef 0.0000	20
Penis	0.0120	0.0267	0.4493 2.2259	
Prostata	0.0087	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0229	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0288			
Prostata-Hyperplasie	0.0030			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0118			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			30
Zervix	0.0106			

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0111	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0039	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0036	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0062	45
Placenta	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0204	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0051	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0047	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0083	65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 18

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0585	0.0230	2.5424	0.3933
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0368	0.0165	2.2244	0.4496
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0046	2.4850	0.4024
	Gehirn	0.0022	0.0031	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0509	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0218	0.0149	1.4623	0.6838
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0543	0.4208	2.3761
	Uterus_allgemein	0.0407	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0356			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestin	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0108
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0052
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0030
	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0083

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 19

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0390	0.0128	3.0509	0.3278	5
Brust	0.0153	0.0094	1.6333	0.6123	
Duenn darm	0.0184	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0090	0.0026	3.4538	0.2895	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0075	0.0000	undef	
Gastrointestinal	0.0230	0.0093	2.4850	0.4024	10
Gehirn	0.0052	0.0072	0.7200	1.3890	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0143	0.0259	0.5515	1.8133	
Herz	0.0106	0.0137	0.7710	1.2971	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Lunge	0.0042	0.0020	2.0321	0.4921	
Magen-Speiserohre	0.0870	0.0153	5.6724	0.1763	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219	
Pankreas	0.0017	0.0607	0.0272	36.7712	20
Penis	0.0419	0.0800	0.5241	1.9079	
Prostata	0.0392	0.0298	1.3161	0.7598	
Uterus_Endometrium	0.0473	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0229	0.0136	1.6834	0.5940	
Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0064				
Prostata-Hyperplasie	0.0149				
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0069				30
Zervix	0.0106				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0167	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0079	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefasse	0.0071	
Lunge	0.0145	
Nebenniere	0.0254	
Niere	0.0000	45
Placenta	0.0061	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0408	
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0203	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0099	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0389	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0246	
Nerven	0.0070	
Prostata	0.0068	
Sinnesorgane	0.0077	
Uterus_n	0.0333	65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 20

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0429	0.0153	2.7966	0.3576
	Brust	0.0141	0.0282	0.4991	2.0038
	Duennndarm	0.0307	0.0165	1.8537	0.5395
	Eierstock	0.0300	0.0390	0.7675	1.3029
	Endokrines_Gewebe	0.0409	0.0176	2.3288	0.4294
10	Gastrointestinal	0.0230	0.0139	1.6567	0.6036
	Gehirn	0.0200	0.0298	0.6703	1.4919
	Haematopoetisch	0.0160	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0257	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0259	0.5515	1.8133
15	Herz	0.0339	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0288	0.0234	1.2299	0.8130
	Lunge	0.0270	0.0409	0.6604	1.5141
	Magen-Speiserohre	0.0483	0.0230	2.1009	0.4760
	Muskel-Skelett	0.0394	0.0240	1.6419	0.6090
20	Niere	0.0244	0.0205	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0198	0.0276	0.7180	1.3928
	Penis	0.0359	0.0533	0.6739	1.4839
	Prostata	0.0305	0.0255	1.1942	0.8374
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0534	0.0272	1.9640	0.5092
25	Uterus_allgemein	0.0051	0.0954	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0384			
	Prostata-Hyperplasie	0.0595			
	Samenblase	0.0267			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0286			
	Zervix	0.0426			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0222
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0079
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0285
	Lunge	0.0470
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0247
	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0377

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0006
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0065
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0080
	Prostata	0.0205
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0250

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 21

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347	
Duendarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0150	0.2264	4.4166	
Gastrointestinal	0.0000	0.0139	0.0000	undef	10
Gehirn	0.0177	0.0031	5.7597	0.1736	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef	
Lunge	0.0031	0.0123	0.2540	3.9367	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef	
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				
Zervix	0.0000				
					35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0142				
Lunge	0.0036				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0061				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
					50
					55
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0012				60
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0065				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				65
Nerven	0.0070				
Prostata	0.0068				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0125				

## NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

%Haeufigkeit

Brust	0.0000	
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0012	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0065	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0070	
Prostata	0.0068	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0125	65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 22

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0136
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0023
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000



# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 23

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0390	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef	
Duennndarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0115	0.0046	2.4850	0.4024	10
Gehirn	0.0022	0.0000	undef	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0240	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0065	0.0064	1.0236	0.9769	
Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0229	0.0475	0.4810	2.0791	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0149				
Samenblase	0.0267				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0106				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 24

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0351	0.0051	6.8645	0.1457
	Brust	0.0026	0.0056	0.4537	2.2042
	Duennndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0130	0.6908	1.4477
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0075	0.9057	1.1042
10	Gastrointestinal	0.0172	0.0139	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0044	0.0082	0.5400	1.8520
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0117	1.4759	0.6775
	Lunge	0.0042	0.0143	0.2903	3.4446
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4278	0.7004
20	Niere	0.0000	0.0205	0.0000	undef
	Pankreas	0.0033	0.0110	0.2991	3.3428
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0128	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0139
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0071
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0254
45	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0181
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0130
60	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0060
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0416

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 25

NORMAL		TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0234	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Elutekoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				35
Gastrointestinal	0.0028				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				50
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				65

## DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 26

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0429	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0015	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0043	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0235			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0171
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0042

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 27

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0312	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0090	0.0056	1.5879	0.6298	
Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0060	0.0052	1.1513	0.8686	
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0075	0.4528	2.2083	
Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0030	0.0051	0.5760	1.7362	10
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684	
Magen-Speiserohre	0.0290	0.0000	undef	0.0000	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610	
Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000	20
Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0065	0.0043	1.5354	0.6513	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0059				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				30
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0125	
Haematopoetisch	0.0039	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0260	
Herz-Blutgefasse	0.0071	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	45
Placenta	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0126	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0245	55
Foetal	0.0064	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0114	
Haut-Muskel	0.0065	
Hoden	0.0154	60
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0050	
Prostata	0.0205	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0167	65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 28

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0429	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 29

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0312	0.0051	6.1018	0.1639	5
Brust	0.0307	0.0019	16.3327	0.0612	
Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0120	0.0000	undef	0.0000	10
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0075	0.0000	undef	
Gastrointestinal	0.0057	0.0093	0.6213	1.6096	
Gehirn	0.0015	0.0062	0.2400	4.1669	15
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800	20
Herz	0.0138	0.0412	0.3341	2.9932	
Hoden	0.0403	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0114	0.0061	1.8628	0.5368	25
Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0153	1.2605	0.7933	
Muskel-Skelett	0.0274	0.0300	0.9138	1.0944	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	30
Pankreas	0.0050	0.0331	0.1496	6.6857	
Penis	0.0359	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885	35
Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0686	0.0679	1.0100	0.9901	
Uterus_allgemein	0.0458	0.0000	undef	0.0000	40
Brust-Hyperplasie	0.0128				
Prostata-Hyperplasie	0.0119				
Samenblase	0.0000				45
Sinnesorgane	0.0118				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0213				50

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0111	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0039	40
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0036	45
Lunge	0.0036	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0124	50
Placenta	0.0061	
Prostata	0.0249	
Sinnesorgane	0.0000	55

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	55
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0051	
Endokrines_Gewebe	0.0000	60
Foetal	0.0023	
Gastrointestinal	0.0122	
Haematopoetisch	0.0000	65
Haut-Muskel	0.0097	
Hoden	0.0077	
Lunge	0.0410	65
Nerven	0.0010	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	65
Uterus_n	0.0250	

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 30

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0273	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0041
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0125



# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 31

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0234	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0038	0.0000	undef	0.0000	
Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0033	0.0055	0.5983	1.6714	
Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0028	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	40
Herz-Blutgefuesse	0.0107	
Lunge	0.0072	
Nebenniere	0.0254	
Niere	0.0000	
Placenta	0.0000	45
Prostata	0.0499	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0012	
Gastrointestinal	0.0000	55
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0000	60
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0000	

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 32

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0026	9.1527	0.1093
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0052
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0057
60	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0077
65	Uterus_n	0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 33

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0060	0.0104	0.5756	1.7372	
Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0150	0.5660	1.7667	
Gastrointestinal	0.0019	0.0139	0.1381	7.2434	10
Gehirn	0.0037	0.0010	3.5998	0.2778	
Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0173	0.0117	1.4759	0.6775	
Lunge	0.0042	0.0061	0.6774	1.4763	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef	
Niere	0.0109	0.0000	undef	0.0000	20
Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000	25
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0026				
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0063	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	40
Herz-Blutgefuesse	0.0036	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	
Placenta	0.0000	45
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0023	
Gastrointestinal	0.0000	55
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0130	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0082	
Nerven	0.0070	60
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0042	65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 34

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust 0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
60	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0042

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 35

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef	
Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145	
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	30
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	35
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	40
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				45
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				50
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				55
Gastrointestenlinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				60
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				65
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				70
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				75
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				80
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				85
Foetal	0.0035				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				90
Haut-Muskel	0.0032				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				95
Nerven	0.0020				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0310				100
Uterus n	0.0042				

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 36

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000		undef	undef
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 37

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef 0.0000	5
Brust	0.0038	0.0038	1.0208 0.9796	
Duenndarm	0.0184	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0090	0.0052	1.7269 0.5791	
Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0025	2.7170 0.3681	
Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef 0.0000	10
Gehirn	0.0089	0.0144	0.6171 1.6205	
Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0037	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706 0.6800	
Herz	0.0095	0.0000	undef 0.0000	15
Hoden	0.0115	0.0000	undef 0.0000	
Lunge	0.0135	0.0123	1.1007 0.9085	
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2605 0.7933	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0120	0.2856 3.5020	
Niere	0.0054	0.0068	0.7930 1.2610	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef	
Penis	0.0060	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0022	0.0149	0.1462 6.8384	
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611 1.7821	25
Uterus_allgemein	0.0255	0.1908	0.1334 7.4943	
Brust-Hyperplasie	0.0096			
Prostata-Hyperplasie	0.0059			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0118			30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0104			
Zervix	0.0000			
				35
				40
				45
				50
				55
				60
				65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 38

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0273	0.0051	5.3391	0.1873
	Brust	0.0026	0.0075	0.3403	2.9389
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0125	0.5434	1.8403
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0081	0.0031	2.6399	0.3788
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0257	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0102	0.4064	2.4605
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0136	0.0205	0.6609	1.5132
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0021	5.1181	0.1954
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0528	0.1280	7.8106
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0235			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0125
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0107
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0507
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0070
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000



# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 39

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				

FOETUS					
%Haeufigkeit					
Entwicklung	0.0000				35
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				40
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				45
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
%Haeufigkeit					
Brust	0.0000				50
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				55
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				60
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 40

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0050	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0031	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0021	0.0041	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0254
45	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0136
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0035
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0227
	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0050
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0077
65	Uterus_n	0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 41

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0234	0.0026	9.1527	0.1093	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0081	0.0010	7.9196	0.1263	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0028				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				50
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0006				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0030				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 42

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0042

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 43

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347	
Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef	10
Endokrines Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289	
Gehirn	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0052	0.0041	1.2701	0.7873	
Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000	20
Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1422	0.8755	
Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428	
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef	25
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				30
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0118				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0017				
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0039	40
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0071	
Lunge	0.0036	
Nebenniere	0.0000	45
Niere	0.0000	
Placenta	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0152	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0000	
Gastrointestinal	0.0244	
Haematopoetisch	0.0000	60
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0010	
Prostata	0.0068	65
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0042	

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 44

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 45

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0390	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	45
Placenta	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0035	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	60
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0077	
Uterus_n	0.0000	65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 46

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000



# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 47

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0273	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef	
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				
Zervix	0.0000				
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				40
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				45
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				50
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				55
Brust	0.0000				60
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				65
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 48

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0273	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0278
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0017
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0060
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 49

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
					35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
					50
					55
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0000				60
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				65
Nerven	0.0010				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0042				

## NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

%Haeufigkeit

Brust	0.0000	
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0010	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0042	65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 50

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
FOETUS					
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefasse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
45	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
50		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 51

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000	
Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0060	0.0078	0.7675	1.3029	10
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361	
Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0022	0.0021	1.0799	0.9260	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000	25
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0059				30
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0026				
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	40
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	45
Niere	0.0000	
Placenta	0.0061	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0136	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0041	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0057	60
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0000	
Prostata	0.0068	65
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0000	

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 52

56

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 53

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
Zervix	0.0000			

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	35
Entwicklung	0.0000	
Gastrointestinal	0.0028	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0039	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefasse	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	
Placenta	0.0000	45
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		50
%Haeufigkeit		
Brust	0.0000	
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0032	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0020	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus n	0.0000	65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 54

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestenstinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
45	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eiersrock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus n	0.0000			



# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 55

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0234	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	40
Herz-Blutgefasse	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	
Placenta	0.0000	45
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	55
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0000	60
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0000	

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 56

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0093	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0136
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0228
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0040
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0083

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 57

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0010	0.0041	0.2540	3.9367	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000	20
Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef	
Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef	
Prostata	0.0065	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0030				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 58

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0026	9.1527	0.1093
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
		FOETUS			
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
45	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 59

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0273	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duendarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef	
Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				30
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				40
Gastrointestinal	0.0028				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				45
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				50
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				55
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				60
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				65
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 60

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0051	0.0038	1.3611	0.7347
	Duendarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0022	0.0021	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.1595
	Eierstock_t	0.0203
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0070
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 61

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duendarm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973	
Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372	10
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0075	0.4528	2.2083	
Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef	
Gehirn	0.0067	0.0051	1.2959	0.7716	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef	
Lunge	0.0031	0.0061	0.5080	1.9684	
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933	20
Muskel-Skelett	0.0034	0.0120	0.2856	3.5020	
Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406	
Pankreas	0.0066	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef	
Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0030				30
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0061				
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0056	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0079	40
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0036	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	45
Niere	0.0000	
Placenta	0.0000	
Prostata	0.0249	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0152	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0064	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	60
Haut-Muskel	0.0130	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0082	
Nerven	0.0010	
Prostata	0.0068	65
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0042	

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 62

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0022	0.0010	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0043	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0006
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 63

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
Blase	0.0351	0.0051	6.8645 0.1457
Brust	0.0026	0.0075	0.3403 2.9389
Duenn darm	0.0031	0.0000	undef 0.0000
Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000 undef
Endokrines Gewebe	0.0034	0.0000	undef 0.0000
Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142 2.4145
Gehirn	0.0015	0.0041	0.3600 2.7779
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef 0.0000
Haut	0.0073	0.0000	undef 0.0000
Hepatisch	0.0048	0.0000	undef 0.0000
Herz	0.0000	0.0000	undef undef
Hoden	0.0058	0.0117	0.4920 2.0326
Lunge	0.0042	0.0041	1.0161 0.9842
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef undef
Muskel-Skelett	0.0000	0.0120	0.0000 undef
Niere	0.0027	0.0000	undef 0.0000
Pankreas	0.0017	0.0000	undef 0.0000
Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000
Prostata	0.0022	0.0000	undef 0.0000
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef 0.0000
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef 0.0000
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef
Brust-Hyperplasie	0.0000		
Prostata-Hyperplasie	0.0089		
Samenblase	0.0000		
Sinnesorgane	0.0118		
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009		
Zervix	0.0106		

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	35
Entwicklung	0.0278	
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	
Placenta	0.0061	45
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		50
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0012	
Gastrointestinal	0.0122	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0097	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0050	
Prostata	0.0068	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus n	0.0042	65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 64

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 65

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointenstinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				40
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				45
Sinnesorgane	0.0000				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				50
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				60
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0077				
Uterus n	0.0000				

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 66

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0026	9.1527	0.1093
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Elutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefasse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 67

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0390	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0235				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
					35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0036				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
					50
					55
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0245				
Foetal	0.0000				60
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0057				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				65
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				

•

•

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 69

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0858	0.0077	11.1866	0.0894
Brust	0.0102	0.0075	1.3611	0.7347
Duennndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
Eierstock	0.0060	0.0260	0.2303	4.3431
Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0125	0.5434	1.8403
Gastrointestinal	0.0038	0.0278	0.1381	7.2434
Gehirn	0.0022	0.0144	0.1543	6.4818
Haematopoetisch	0.0013	0.0379	0.0353	28.3379
Haut	0.0734	0.1695	0.4332	2.3084
Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef
Herz	0.0159	0.0137	1.1565	0.8647
Hoden	0.0000	0.0468	0.0000	undef
Lunge	0.0073	0.0164	0.4445	2.2496
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
Muskel-Skelett	0.0069	0.0180	0.3807	2.6265
Niere	0.0163	0.0000	undef	0.0000
Pankreas	0.0066	0.0055	1.1966	0.8357
Penis	0.0210	0.0267	0.7862	1.2719
Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef	0.0000
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
Brust-Hyperplasie	0.0128			
Prostata-Hyperplasie	0.0119			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0235			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
Zervix	0.0000			
FOETUS				
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0139			
Gastrointestinal	0.0028			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0000			
Herz-Blutgefuesse	0.0462			
Lunge	0.0036			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0000			
Placenta	0.0000			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0000			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0051			
Endokrines_Gewebe	0.0245			
Foetal	0.0128			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0227			
Hoden	0.0154			
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0171			
Prostata	0.0068			
Sinnesorgane	0.0155			
Uterus_n	0.0000			

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 70

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000



# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 71

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0234	0.0000	undef	0.0000	
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				45
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 72

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0585	0.0077	7.6272	0.1311
	Brust	0.0192	0.0019	10.2079	0.0980
	Duennndarm	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0052	1.7269	0.5791
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0075	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0307	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0118	0.0062	1.9199	0.5209
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0190	0.0065	2.9412	0.3400
15	Herz	0.0244	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0041	0.2540	3.9367
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0509	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0153	0.0085	1.7913	0.5582
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0320			
	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0167
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0071
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0251

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0204
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0082
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0162
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0040
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0155
65	Uterus_n	0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 73

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				30
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0139	35
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	40
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	45
Niere	0.0000	
Placenta	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	60
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0000	
Prostata	0.0000	65
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0000	

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 74

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000		undef	undef
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 75

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				30
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	40
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	45
Niere	0.0000	
Placenta	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	55
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0012	
Gastrointestinal	0.0000	60
Haematopoetisch	0.0057	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0000	65
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0000	

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 76

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0702	0.0026	27.4580	0.0364
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0379	0.0000	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0021	0.0061	0.3387	2.9526
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefasse	0.0142
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 77

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0351	0.0051	6.8645	0.1457	5
Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347	
Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0104	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289	10
Gehirn	0.0067	0.0010	6.4796	0.1543	
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.0117	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0010	0.0041	0.2540	3.9367	
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0054	0.0137	0.3965	2.5219	20
Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0229	0.0000	undef	0.0000	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0030				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0035				
Zervix	0.0000				
					35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0056				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0072				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
					50
					55
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0101				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0087				60
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0057				
Haut-Muskel	0.0130				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				65
Nerven	0.0090				
Prostata	0.0068				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0458				

## NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

%Haeufigkeit

Brust	0.0000	
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0101	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0087	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0057	
Haut-Muskel	0.0130	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0090	
Prostata	0.0068	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0458	65

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 78

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
5	Blase 0.0156	0.0000	undef 0.0000
	Brust 0.0000	0.0000	undef undef
	Duendarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
10	Gastrointestinal 0.0000	0.0093	0.0000 undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0013	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
15	Herz 0.0011	0.0412	0.0257 38.9118
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0000	0.0020	0.0000 undef
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
20	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		
	FOETUS		
35	%Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0278		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
40	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefuesse 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Nebenniere 0.0000		
45	Niere 0.0000		
	Placenta 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
	Brust 0.0000		
	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0000		
55	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
60	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
65	Uterus n 0.0000		



# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 79

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0351	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestenstinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				40
Herz-Blutgefesaesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				45
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				55
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				60
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 80

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0624	0.0102	6.1018	0.1639
	Brust 0.0141	0.0056	2.4953	0.4008
	Duenndarm 0.0215	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0150	0.0078	1.9188	0.5212
	Endokrines_Gewebe 0.0187	0.0050	3.7359	0.2677
10	Gastrointestinal 0.0307	0.0139	2.2089	0.4527
	Gehirn 0.0214	0.0082	2.6099	0.3832
	Haematopoetisch 0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0190	0.0065	2.9412	0.3400
15	Herz 0.0360	0.0137	2.6213	0.3815
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0083	0.0041	2.0321	0.4921
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett 0.0171	0.0060	2.8555	0.3502
20	Niere 0.0136	0.0548	0.2478	4.0351
	Pankreas 0.0083	0.0387	0.2137	4.6800
	Penis 0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0087	0.0064	1.3648	0.7327
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein 0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0288			
	Prostata-Hyperplasie 0.0119			
	Samenblase 0.1246			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0017			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0028
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0036
	Lunge 0.0108
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
50	Brust 0.0136
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0012
	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
60	Hoden 0.0077
	Lunge 0.0082
	Nerven 0.0010
	Prostata 0.0205
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0083

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 81

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
					35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
					50
					55
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0000				60
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				65
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				

## NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

%Haeufigkeit

Brust	0.0000	
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0000	65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 82

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0390	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung
	Gastrointestinal
	Gehirn
	Haematopoetisch
40	Haut
	Hepatisch
	Herz-Blutgefuesse
	Lunge
	Nebenniere
45	Niere
	Placenta
	Prostata
	Sinnesorgane

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
50	Brust
	Eierstock_n
	Eierstock_t
55	Endokrines_Gewebe
	Foetal
	Gastrointestinal
	Haematopoetisch
60	Haut-Muskel
	Hoden
	Lunge
	Nerven
	Prostata
	Sinnesorgane
65	Uterus_n

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 83

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0273	0.0026	10.6781	0.0936	
Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000	5
Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gehirn	0.0229	0.0031	7.4396	0.1344	10
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Lunge	0.0052	0.0000	undef	0.0000	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000	20
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0028	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	
Placenta	0.0061	45
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0068	
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0253	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0006	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0201	
Prostata	0.0068	
Sinnesorgane	0.0310	
Uterus_n	0.0000	65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 84

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0195	0.0000	undef	0.0000
	Brust 0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
60	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 85

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 86

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0273	0.0051	5.3391	0.1873
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0041	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000



# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 87

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef	10
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef	25
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	30
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				35
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				40
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				45
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				50
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				55
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				60
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0000				65
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				70
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				75
Uterus_n	0.0000				

## DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 88

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duendarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0052
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0386
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0208

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 89

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
					35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
					50
					55
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0000				60
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				65
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				

## NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

%Haeufigkeit

Brust	0.0000	
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0000	65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 90

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0312	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duendarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0015	0.0010	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000		undef	undef
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0006
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 91

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	40
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	
Placenta	0.0000	45
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	55
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0000	60
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0000	

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 92

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0312	0.0051	6.1018	0.1639
	Brust	0.0102	0.0113	0.9074	1.1021
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0125	0.4075	2.4537
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0067	0.0329	0.2025	4.9386
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0330	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0333	0.0323	1.0294	0.9714
15	Herz	0.0127	0.0137	0.9252	1.0809
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0156	0.0082	1.9051	0.5249
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0120	0.4283	2.3347
20	Niere	0.0027	0.0205	0.1322	7.5658
	Pankreas	0.0050	0.0110	0.4487	2.2286
	Penis	0.0060	0.0267	0.2246	4.4517
	Prostata	0.0131	0.0128	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0147			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0079
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0545
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0340
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0608
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0198
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0171
60	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0697
65	Uterus_n	0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 93

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0234	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0166	0.0226	0.7372	1.3564	
Duendarm	0.0000	0.0165	0.0000	undef	
Eierstock	0.0270	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0238	0.0276	0.8645	1.1567	
Gastrointestinal	0.0115	0.0093	1.2425	0.8048	10
Gehirn	0.0089	0.0072	1.2342	0.8102	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0143	0.0518	0.2757	3.6266	
Herz	0.0148	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0230	0.0117	1.9679	0.5082	
Lunge	0.0218	0.0266	0.8207	1.2185	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0120	0.0120	0.9994	1.0006	
Niere	0.0081	0.0137	0.5948	1.6813	20
Pankreas	0.0149	0.0221	0.6731	1.4857	
Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0240	0.0213	1.1260	0.8881	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0229	0.0340	0.6734	1.4851	25
Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0224				
Prostata-Hyperplasie	0.0208				
Samenblase	0.0445				
Sinnesorgane	0.0235				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				
Zervix	0.0213				
					35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0167				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0079				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0108				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0061				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
					50
					55
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0245				
Foetal	0.0099				60
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0065				
Hoden	0.0154				
Lunge	0.0000				65
Nerven	0.0020				
Prostata	0.0068				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0042				

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 94

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0026	7.6272	0.1311
	Brust	0.0051	0.0094	0.5444	1.8368
	Duennndarm	0.0092	0.0165	0.5561	1.7982
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0150	0.7925	1.2619
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0030	0.0103	0.2880	3.4724
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0052	0.0020	2.5402	0.3937
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0120	0.1428	7.0040
20	Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974	1.1143
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0068	5.6113	0.1782
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0095			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.2513
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0185
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0204
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0709
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0070
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0228
	Haut-Muskel	0.0194
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0250



# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 95

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0351	0.0026	13.7290	0.0728	5
Brust	0.0026	0.0094	0.2722	3.6736	
Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0075	0.0000	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef	10
Gehirn	0.0037	0.0051	0.7200	1.3890	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0190	0.0129	1.4706	0.6800	
Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326	
Lunge	0.0021	0.0061	0.3387	2.9526	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef	
Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406	20
Pankreas	0.0050	0.0166	0.2991	3.3428	
Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0044	0.0106	0.4095	2.4423	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0061				
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0028	
Gehirn	0.0063	
Haematopoetisch	0.0079	
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	40
Herz-Blutgefuesse	0.0036	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0062	
Placenta	0.0000	45
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0251	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0116	
Gastrointestinal	0.0000	55
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0194	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0082	
Nerven	0.0010	60
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0155	
Uterus_n	0.0208	

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 96

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0090	0.0094	0.9527	1.0496
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0153	0.0176	0.8733	1.1451
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0185	0.5177	1.9316
	Gehirn	0.0081	0.0031	2.6399	0.3788
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0052	0.0020	2.5402	0.3937
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974	1.1143
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0064	0.3412	2.9308
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0528	0.2561	3.9053
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0083
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0071
	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0062
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0251

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0099
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0324
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0328
	Nerven	0.0141
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0167

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 97

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0195	0.0000	undef 0.0000	5
Brust	0.0064	0.0038	1.7013 0.5878	
Duennndarm	0.0061	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0030	0.0156	0.1919 5.2117	
Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0251	0.5434 1.8403	
Gastrointestinal	0.0134	0.0139	0.9664 1.0348	10
Gehirn	0.0074	0.0277	0.2667 3.7502	
Haematopoetisch	0.0134	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0037	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353 1.3600	
Herz	0.0127	0.0412	0.3084 3.2426	15
Hoden	0.0115	0.0585	0.1968 5.0816	
Lunge	0.0104	0.0204	0.5080 1.9684	
Magen-Speiserohre	0.0193	0.0230	0.8404 1.1900	
Muskel-Skelett	0.0120	0.0240	0.4997 2.0011	
Niere	0.0054	0.0068	0.7930 1.2610	20
Pankreas	0.0083	0.0331	0.2493 4.0114	
Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0240	0.0277	0.8661 1.1545	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000 undef	
Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef 0.0000	25
Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0064			
Prostata-Hyperplasie	0.0178			
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0000			30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0113			
Zervix	0.0000			

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0111	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0039	
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	40
Herz-Blutgefuesse	0.0036	
Lunge	0.0181	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0124	
Placenta	0.0000	45
Prostata	0.0249	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0051	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0012	
Gastrointestinal	0.0122	55
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0065	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0082	
Nerven	0.0070	60
Prostata	0.0068	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0000	

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 98

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0026	0.0113	0.2268	4.4083
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0026	2.3025	0.4343
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0100	1.1887	0.8413
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0229	0.0062	3.7198	0.2688
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0847	0.0000	undef
	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0062	0.0041	1.5241	0.6561
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0137	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0033	0.0055	0.5983	1.6714
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0528	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0954	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0557
	Gastrointestinal	0.0083
	Gehirn	0.0188
	Haematopoetisch	0.0039
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0142
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0254
45	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0251

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
55	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0175
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0114
60	Haut-Muskel	0.0389
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0251
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0310
65	Uterus_n	0.0208

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 99

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0312	0.0026	12.2035	0.0819	5
Brust	0.0166	0.0132	1.2638	0.7912	
Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0090	0.0026	3.4538	0.2895	
Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0025	3.3962	0.2944	
Gastrointestinal	0.0115	0.0231	0.4970	2.0121	10
Gehirn	0.0074	0.0082	0.8999	1.1112	
Haematopoetisch	0.0120	0.0379	0.3176	3.1487	
Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0085	0.0275	0.3084	3.2426	15
Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0104	0.0061	1.6934	0.5905	
Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000	
Muskel-Skelett	0.0051	0.0180	0.2856	3.5020	
Niere	0.0109	0.0274	0.3965	2.5219	20
Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0224				
Prostata-Hyperplasie	0.0059				
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0118				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0113				30
Zervix	0.0106				
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0139				
Gastrointestinal	0.0111				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0039				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0260				
Herz-Blutgefuesse	0.0107				
Lunge	0.0036				
Nebenniere	0.0507				
Niere	0.0247				45
Placenta	0.0061				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				50
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0051				55
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0035				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0057				
Haut-Muskel	0.0130				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0040				
Prostata	0.0205				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0042				65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 100

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0051	0.0056	0.9074	1.1021
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0075	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0030	0.0051	0.5760	1.7362
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0137	0.1542	6.4853
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0052	0.0041	1.2701	0.7873
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0006
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0030
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0125

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 101

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0234	0.0026	9.1527	0.1093	5
Brust	0.0077	0.0094	0.8166	1.2245	
Duennndarm	0.0123	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0060	0.0000	undef	0.0000	10
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0050	0.6792	1.4722	
Gastrointestinal	0.0057	0.0139	0.4142	2.4145	
Gehirn	0.0015	0.0021	0.7200	1.3890	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000	15
Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676	2.7200	
Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0052	0.0020	2.5402	0.3937	
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933	20
Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0081	0.0137	0.5948	1.6813	
Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef	
Penis	0.0150	0.0800	0.1872	5.3421	
Prostata	0.0109	0.0085	1.2795	0.7815	25
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0064				
Prostata-Hyperplasie	0.0059				30
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0118				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0078				
Zervix	0.0213				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0056	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	40
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0108	
Nebenniere	0.0000	45
Niere	0.0000	
Placenta	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0408	50
Eierstock_n	0.1595	
Eierstock_t	0.0101	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0029	
Gastrointestinal	0.0122	
Haematopoetisch	0.0000	60
Haut-Muskel	0.0130	
Hoden	0.0154	
Lunge	0.0082	
Nerven	0.0000	
Prostata	0.0000	65
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0000	

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 102

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0015	0.0010	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0021	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0204
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0070
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0030
	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0083



# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 103

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	40
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	
Placenta	0.0000	45
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	55
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0000	60
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0000	

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 104

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0312	0.0051	6.1018	0.1639
	Brust 0.0102	0.0056	1.8147	0.5510
	Duenn darm 0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0180	0.0104	1.7269	0.5791
	Endokrines_Gewebe 0.0085	0.0176	0.4852	2.0611
10	Gastrointestinal 0.0172	0.0046	3.7275	0.2683
	Gehirn 0.0126	0.0123	1.0199	0.9804
	Haematopoetisch 0.0040	0.0758	0.0529	18.8919
	Haut 0.0257	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz 0.0138	0.0275	0.5011	1.9955
	Hoden 0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0145	0.0102	1.4225	0.7030
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett 0.0206	0.0000	undef	0.0000
20	Niere 0.0190	0.0137	1.3878	0.7206
	Pankreas 0.0050	0.0110	0.4487	2.2286
	Penis 0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0087	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium 0.0203	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0152	0.0136	1.1223	0.8911
25	Uterus_allgemein 0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0096			
	Prostata-Hyperplasie 0.0149			
	Samenblase 0.0089			
	Sinnesorgane 0.0353			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0043			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0056
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0039
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0260
	Herz-Blutgefuesse 0.0036
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0185
	Placenta 0.1030
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0251

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
50	Brust 0.0204
	Eierstock_n 0.1595
	Eierstock_t 0.0253
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0192
	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0057
60	Haut-Muskel 0.0324
	Hoden 0.0154
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0151
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0077
65	Uterus_n 0.0208

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 105

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0115	0.0132	0.8750	1.1429	
Duenn darm	0.0092	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0090	0.0052	1.7269	0.5791	
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0050	0.6792	1.4722	10
Gastrointestinal	0.0115	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0030	0.0041	0.7200	1.3890	
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000	15
Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef	
Herz	0.0127	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef	
Lunge	0.0042	0.0000	undef	0.0000	20
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000	
Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219	
Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000	25
Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0109	0.0085	1.2795	0.7815	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	30
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0064				
Prostata-Hyperplasie	0.0059				
Samenblase	0.0178				35
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0319				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				40
Gastrointestinal	0.0028				
Gehirn	0.0125				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				45
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0107				
Lunge	0.0108				
Nebenniere	0.0254				50
Niere	0.0000				
Placenta	0.0121				
Prostata	0.0249				
Sinnesorgane	0.0000				55
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				60
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0051				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0099				65
Gastrointestinal	0.0122				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0259				
Hoden	0.0000				70
Lunge	0.0082				
Nerven	0.0100				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				75
Uterus_n	0.0042				

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 106

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0312	0.0077	4.0678	0.2458
	Brust	0.0192	0.0019	10.2079	0.0980
	Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0390	0.1535	6.5146
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0075	0.9057	1.1042
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0046	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0118	0.0164	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0080	0.0379	0.2117	4.7230
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz	0.0191	0.0275	0.6939	1.4412
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0239	0.0102	2.3370	0.4279
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0307	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0240	0.2142	4.6693
20	Niere	0.0081	0.0137	0.5948	1.6813
	Pankreas	0.0033	0.0110	0.2991	3.3428
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0204	0.0000	undef
25	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0320			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0319			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0278
	Gastrointestinal	0.0167
	Gehirn	0.0125
	Haematopoetisch	0.0079
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0213
	Lunge	0.0181
	Nebenniere	0.0507
45	Niere	0.0062
	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.2762

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0203
55	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0198
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0171
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0161
	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0208

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 107

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duendarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gehirn	0.0015	0.0000	undef	0.0000	
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				30
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0063	
Haematopoetisch	0.0000	40
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	45
Niere	0.0000	
Placenta	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	55
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0032	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0000	60
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0000	

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 108

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0038	0.0056	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0100	0.1698	5.8889
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0022	0.0103	0.2160	4.6299
	Haematopoetisch	0.0027	0.0758	0.0353	28.3379
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0125	0.0061	2.0321	0.4921
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0137	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0021	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0528	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0095			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0759
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0057
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0274
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0083

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 109

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0507	0.0179	2.8330	0.3530	
Brust	0.0153	0.0000	undef	0.0000	5
Duennndarm	0.0276	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0270	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0075	1.5849	0.6309	
Gastrointestinal	0.0096	0.0046	2.0708	0.4829	
Gehirn	0.0044	0.0010	4.3198	0.2315	10
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef	
Herz	0.0201	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000	15
Lunge	0.0073	0.0000	undef	0.0000	
Magen-Speiserohre	0.0580	0.0230	2.5211	0.3967	
Muskel-Skelett	0.0771	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef	
Pankreas	0.0033	0.0221	0.1496	6.6857	20
Penis	0.0210	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0174	0.0106	1.6378	0.6106	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0229	0.0068	3.3668	0.2970	
Uterus_allgemein	0.0357	0.0000	undef	0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0096				
Prostata-Hyperplasie	0.0149				
Samenblase	0.0534				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0083	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0039	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0507	
Niere	0.0062	45
Placenta	0.0242	
Prostata	0.0748	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0816	
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0041	
Gastrointestinal	0.0244	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0097	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0030	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0042	65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 110

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0230	0.0038	6.1248	0.1633
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0025	5.4340	0.1840
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0022	0.0031	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0212	0.0137	1.5420	0.6485
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0156	0.0164	0.9526	1.0498
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0180	0.3807	2.6265
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0043	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0068	4.4891	0.2228
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0532			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0417
	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0213
	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0124
	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0204
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0064
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0162
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0080
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0125



# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 111

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0312	0.0026	12.2035	0.0819	
Brust	0.0051	0.0019	2.7221	0.3674	5
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722	
Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0022	0.0041	0.5400	1.8520	10
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef	
Herz	0.0011	0.0137	0.0771	12.9706	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428	20
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885	
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				30
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestenstinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0039	
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	40
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0254	
Niere	0.0124	45
Placenta	0.0121	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0340	
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0012	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0065	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0082	
Nerven	0.0020	
Prostata	0.0205	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0000	65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 112

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0137	0.1542	6.4853
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0017
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0065
60	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 113

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0312	0.0026	12.2035	0.0819	5
Brust	0.0102	0.0019	5.4442	0.1837	
Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef	
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0037	0.0031	1.1999	0.8334	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0042	0.0020	2.0321	0.4921	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0180	0.0952	10.5060	
Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610	20
Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428	
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0706				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0167				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0039				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0036				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0062				45
Placenta	0.0667				
Prostata	0.0249				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0136				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0203				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0140				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 114

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0038	0.0000	undef
	Duenndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0031	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Flutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0006
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 115

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0195	0.0026	7.6272	0.1311	5
Brust	0.0038	0.0019	2.0416	0.4898	
Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0120	0.0052	2.3025	0.4343	10
Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0007	0.0051	0.1440	6.9448	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	15
Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef	
Herz	0.0042	0.0137	0.3084	3.2426	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0066	0.0276	0.2393	4.1785	
Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef	
Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000	25
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0089				30
Samenblase	0.0178				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0035				
Zervix	0.0000				
FOETUS					35
%Haeufigkeit					
Entwicklung	0.0139				40
Gastrointestinal	0.0028				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				45
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0036				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0062				
Placenta	0.0121				50
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					55
%Haeufigkeit					
Brust	0.0000				60
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0017				
Gastrointestinal	0.0000				65
Haematopoetisch	0.0057				
Haut-Muskel	0.0130				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0020				65
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus n	0.0083				

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 116

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0624	0.0204	3.0509	0.3278
	Brust	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0368	0.0165	2.2244	0.4496
	Eierstock	0.0120	0.0026	4.6050	0.2172
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0556	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0030	0.0041	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0190	0.0065	2.9412	0.3400
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0230	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0110	0.2991	3.3428
	Penis	0.1258	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0479	0.0319	1.5013	0.6661
	Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.1067	0.0272	3.9279	0.2546
25	Uterus_allgemein	0.0509	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0476			
	Samenblase	0.0267			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0213			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0167
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0118
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0071
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0499
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0204
	Eierstock_n	0.1595
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0082
	Gastrointestinal	0.0610
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0060
	Prostata	0.0342
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0541

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 117

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef	
Duendarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	15
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	30
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				35
Sinnesorgane	0.0235				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				40
Gastrointestenstinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				45
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefaessee	0.0000				
Lunge	0.0072				
Nebenniere	0.0000				50
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				55
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				60
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0000				65
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus n	0.0000				

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 118

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0026	0.0038	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines Gewebe	0.0068	0.0150	0.4528	2.2083
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0051	0.1440	6.9448
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0064	0.0137	0.4626	2.1618
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
FOETUS					
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
45	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
50		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0114			
60	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0077			
65	Uterus_n	0.0000			



# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 119

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
			%Haeufigkeit	N/T T/N	
	Blase	0.0819	0.0383	2.1356 0.4682	5
	Brust	0.0473	0.0320	1.4811 0.6752	
	Duenndarm	0.0460	0.0331	1.3903 0.7193	
	Eierstock	0.0539	0.0442	1.2190 0.8204	
	Endokrines_Gewebe	0.0494	0.0652	0.7576 1.3199	
	Gastrointestinal	0.0805	0.0139	5.7984 0.1725	10
	Gehirn	0.0451	0.0390	1.1557 0.8653	
	Haematopoetisch	0.0374	0.0379	0.9881 1.0121	
	Haut	0.0367	0.0000	undef 0.0000	
	Hepatisch	0.0190	0.0323	0.5882 1.7000	
	Herz	0.0382	0.0825	0.4626 2.1618	15
	Hoden	0.0173	0.0117	1.4759 0.6775	
	Lunge	0.0384	0.0184	2.0886 0.4788	
	Magen-Speiserohre	0.0580	0.0537	1.0805 0.9255	
	Muskel-Skelett	0.0514	0.0240	2.1416 0.4669	
	Niere	0.0489	0.0479	1.0196 0.9808	20
	Pankreas	0.0330	0.0663	0.4986 2.0057	
	Penis	0.0359	0.0000	undef 0.0000	
	Prostata	0.0610	0.0617	0.9883 1.0118	
	Uterus_Endometrium	0.2838	0.0000	undef 0.0000	
	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef 0.0000	25
	Uterus_allgemein	0.0509	0.0000	undef 0.0000	
	Brust-Hyperplasie	0.2206			
	Prostata-Hyperplasie	0.0773			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0353			30
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0737			
	Zervix	0.0319			
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 120

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0026	0.0038	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0052	0.0041	1.2599	0.7937
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0254
45	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0006
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0070
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 121

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0273	0.0051	5.3391	0.1873	
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Duendarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef	
Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0059	0.0041	1.4399	0.6945	10
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef	15
Lunge	0.0052	0.0000	undef	0.0000	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000	20
Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0109	0.0085	1.2795	0.7815	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0028				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0036				
Lunge	0.0036				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				50
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0136				
Eierstock_n	0.1595				
Eierstock_t	0.0051				
Endokrines_Gewebe	0.0245				55
Foetal	0.0035				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0032				
Hoden	0.0077				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0030				
Prostata	0.0068				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0167				65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 122

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0351	0.0077	4.5763	0.2185
	Brust	0.0077	0.0038	2.0416	0.4898
	Duendarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0093	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0030	0.0021	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0233	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0599	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0131	0.0149	0.8774	1.1397
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0340	0.4489	2.2276
	Uterus_allgemein	0.0407	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0278
	Gastrointestinal	0.0139
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0391
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0254
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0136
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0152
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0052
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0060
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0077
65	Uterus_n	0.0083

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 123

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0390	0.0051	7.6272	0.1311	5
Brust	0.0064	0.0056	1.1342	0.8817	
Duennndarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0050	0.3396	2.9444	
Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600	2.7779	
Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0095	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842	
Magen-Speiserohre	0.0193	0.0077	2.5211	0.3967	
Muskel-Skelett	0.0154	0.0060	2.5700	0.3891	
Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000	20
Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef	
Penis	0.0210	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0152	0.0272	0.5611	1.7821	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0128				
Prostata-Hyperplasie	0.0059				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0017				
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0139	35
Gastrointestinal	0.0083	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	40
Herz-Blutgefuesse	0.0142	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	
Placenta	0.0000	45
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0012	
Gastrointestinal	0.0122	55
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0065	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0082	
Nerven	0.0000	60
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0083	

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 124

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0195		0.0026		7.6272	0.1311
	Brust	0.0013		0.0019		0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0031		0.0000		undef	0.0000
	Eierstock	0.0000		0.0026		0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017		0.0050		0.3396	2.9444
10	Gastrointestinal	0.0057		0.0000		undef	0.0000
	Gehirn	0.0022		0.0021		1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0000		0.0379		0.0000	undef
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Herz	0.0011		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0010		0.0000		undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000		0.0060		0.0000	undef
20	Niere	0.0109		0.0000		undef	0.0000
	Pankreas	0.0000		0.0000		undef	undef
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0087		0.0043		2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0068		0.0000	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0059					
	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009					
	Zervix	0.0000					
		FOETUS					
35		%Haeufigkeit					
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0039					
40	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0260					
	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nebenniere	0.0507					
45	Niere	0.0000					
	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0000					
55	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0006					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0162					
60	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0040					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
65	Uterus_n	0.0000					

## DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 125

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0390	0.0051	7.6272	0.1311	5
Brust	0.0153	0.0150	1.0208	0.9796	
Duenndarm	0.0245	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0210	0.0078	2.6863	0.3723	
Endokrines_Gewebe	0.0170	0.0125	1.3585	0.7361	
Gastrointestinal	0.0153	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0126	0.0133	0.9415	1.0622	10
Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef	
Herz	0.0127	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0115	0.0117	0.9839	1.0163	
Lunge	0.0114	0.0143	0.7983	1.2526	15
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0307	0.3151	3.1733	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510	
Niere	0.0326	0.0274	1.1896	0.8406	20
Pankreas	0.0033	0.0166	0.1994	5.0142	
Penis	0.0629	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0109	0.0170	0.6398	1.5631	
Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0305	0.0068	4.4891	0.2228	
Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0256				
Prostata-Hyperplasie	0.0208				
Samenblase	0.0178				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0191				
Zervix	0.0106				30
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				35
Gastrointestinal	0.0111				
Gehirn	0.0063				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0036				
Lunge	0.0072				
Nebenniere	0.0254				
Niere	0.0062				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0126				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				50
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0051				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0076				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0057				
Haut-Muskel	0.0162				
Hoden	0.0077				
Lunge	0.0082				60
Nerven	0.0120				
Prostata	0.0205				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0749				

## DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 126

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0051	0.0056	0.9074	1.1021
	Duennndarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0104	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0075	1.1321	0.8833
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0059	0.0154	0.3840	2.6043
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0129	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0201	0.0137	1.4649	0.6827
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0145	0.0164	0.8891	1.1248
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0300	0.0571	17.5100
20	Niere	0.0217	0.0068	3.1722	0.3152
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0210	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0021	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0457	0.0204	2.2445	0.4455
25	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0470			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0121			
	Zervix	0.0213			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0157
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefasse	0.0213
	Lunge	0.0217
	Nebenniere	0.0254
45	Niere	0.0185
	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0210
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0259
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0387
65	Uterus_n	0.0000



# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 127

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0090	0.0019	4.7637	0.2099	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0240	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722	
Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef	10
Gehirn	0.0037	0.0010	3.5998	0.2778	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0058	0.0234	0.2460	4.0652	15
Lunge	0.0010	0.0061	0.1693	5.9051	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef	
Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496	6.6857	20
Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0229	0.0136	1.6834	0.5940	
Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0119				
Samenblase	0.0267				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0017				30
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0139				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0079				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0071				
Lunge	0.0036				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0122				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0082				
Nerven	0.0010				
Prostata	0.0205				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0042				65

## 2.2 Fisher-Test

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz  $S$  eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu  $S$  homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu  $S$  gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

## Beispiel 3

## Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz.

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz  $S$  vollzieht sich in drei Schritten:

1. Ermittlung aller zu  $S$  homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST.
2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995). Nucleic Acids Research 23 4992-4999) (Contig-Bildung).
3. Berechnung einer Konsens-Sequenz  $C$  aus den assemblierten Sequenzen.

Die Konsens-Sequenz  $C$  wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz  $S$ . Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für  $S$  abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht,  $C$  in gleicher Weise wie  $S$  zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen  $C_i$  ( $i$ : Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if  $H_0$  Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while  $C_i > C_{i-1}$ ; Abbruchkriterium II).

Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Blasennormalgewebe gefunden werden.

Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORFs) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

TABELLE I

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorgewebe %	Identisch mit /Homolog zu	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Chromosomale Lokalisation
1	99,65	H.sapiens rap 1b	193	1722	
2	100	Human zinc finger transcription factor hEZF (EZF) Homolog	235	1187	
3	99,42	Homo sapiens mRNA for phosphatidic acid phosphatase 2a	221	1478	
4	99,98	H.sapiens mRNA for G protein-coupled receptor Edg-2	211	411	
5	97,54	H.sapiens mRNA for aminopeptidase	167	1775	
6	99,93	Homo sapiens secreted apoptosis related protein	252	3181	
7	99,85	Human monocytic leukaemia zinc finger protein (MOZ)	209	1964	
8	99,61	Homo Sapiens angiotensin II receptor	233	1702	
9	99,2	Human mRNA for RNA helicase (HRH1)	230	2067	
10	96,57	Human Hep27 protein Homolog	219	1302	
11	96,09	H.sapiens mRNA for putative progesterone binding protein	211	1254	
12	98,99	H.sapiens rhoB	236	2548	
13	99,77	Human skeletal muscle LIM-protein SLIM1	210	1673	
14	99,85	Human LIM domain protein CLP-36	247	1593	
15	99,98	Human TRPM-2	124	572	
16	99,74	Human calmodulin-I (CALM1)	210	2520	
17	99,2	H.sapiens dermatoponin mRNA	216	1722	
18	96,56	Homo sapiens phosphoglucomutase-related protein (PGMRP)	226	1648	
19	96,3	Human mRNA for alpha-actinin	206	1102	
20	95,44	Human nucleic acid binding protein	94	1610	
21	99,03	H.sapiens mRNA for GAS-3	304	1108	
22	97,54	Human small nuclear ribonucleoprotein (U1-70K)	275	675	
23	99,99	H.sapiens mRNA for telokin Homolog	350	350	
24	99,06	Rat growth and transformation-dependent mRNA	152	746	
25	99,61	unbekannt	217	217	
26	100	S.pombe chromosome I cosmid c18G6	248	392	
27	99,94	unbekannt	239	1796	
28	100	O.mykiss mRNA for myosin heavy chain	246	575	
29	98,21	unbekannt	245	2927	
30	99,85	unbekannt	233	743	
31	99,61	unbekannt	253	1667	
32	98,22	unbekannt	249	249	
33	99,03	Plasmodium falciparum DNA from contig 4-67	249	1246	
34	97,54	Arabidopsis thaliana chromosome 1 BAC F1707	215	215	

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorgewebe %	Identisch mit /Homolog zu	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Chromosomale Lokalisation
35	97.54	Caenorhabditis elegans cosmid F09E5	221	734	
36	99.03	Rattus norvegicus jun dimerization protein 2 (jdp-2)	140	314	
37	97.54	G.gallus mRNA for RING zinc finger	196	1839	
38	96.57	Rattus norvegicus cytoplasmic dynein intermediate chain 2c	188	1931	
39	99.03	C.salivus mRNA for lipoxigenase	186	294	
40	97.54	P.falciparum complete gene map of plastid-like DNA (IR-B)	227	882	
41	98.22	unbekannt	179	179	
42	97.54	unbekannt	238	238	
43	97.54	Xenopus laevis RNA binding protein Etr-3 (etr-3)	307	934	
44	99.03	unbekannt	220	231	
45	99.99	unbekannt	217	669	
46	97.54	unbekannt	208	240	
47	99.85	unbekannt	228	228	
48	99.85	unbekannt	229	1229	
49	97.54	Drosophila melanogaster Dfz2	281	750	
50	97.54	unbekannt	223	231	
51	97.54	Human (c-myb) Homolog	221	1340	
52	99.94	Ovis aries putative G-protein linked receptor (edg-2)	211	226	
53	99.03	unbekannt	234	611	
54	99.03	Mus musculus Hsp70-related NST-1 (hsr.1)	204	689	
55	99.61	Homo sapiens mRNA for Cdc42-interacting protein 4 (CIP4) Homolog	270	560	
56	97.54	unbekannt	149	851	
57	97.54	Caenorhabditis elegans cosmid D2021	225	1354	
58	98.22	unbekannt	218	268	
59	99.85	Caenorhabditis elegans cosmid K07A12	217	752	
60	97.54	unbekannt	219	1389	
61	97.54	Caenorhabditis elegans cosmid T09A5	94	726	
62	97.54	unbekannt	205	681	
63	99.06	Saccharomyces cerevisiae chromosome VIII cosmid 9780	244	1116	
64	97.54	unbekannt	226	226	
65	99.03	Homo sapiens excision and cross link repair protein (ERCC4), Homolog	216	806	
66	98.22	unbekannt	241	241	
67	99.99	unbekannt	226	226	

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorgewebe %	Identisch mit / Homolog zu	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Chromosomale Lokalisation
68	99.03	Chicken pro-alpha-2(I) collagen gene, g+c rich intron	139	151	
69	100	unbekannt	226	2042	
70	99.61	unbekannt	147	147	
71	99.61	unbekannt	143	143	
72	99.97	unbekannt	219	2980	
73	97.54	unbekannt	227	227	
74	99.03	unbekannt	246	246	
75	97.54	Rat mRNA for V-1 protein	222	773	
76	100	unbekannt	293	293	
77	99.06	Caenorhabditis elegans cosmid F13G3	215	870	
78	97.54	A.vinelandii nitrogen fixation genes U, S, and V	237	237	
79	99.98	unbekannt	439	439	
80	99.97	Human BAC clone GS306C12 from 7q21-q22	219	2483	s. Spalte Identisch mit / Homolog zu
81	97.54	unbekannt	200	202	
82	99.99	unbekannt	220	353	
83	99.2	unbekannt	223	1039	
84	99.03	unbekannt	214	270	
85	97.54	unbekannt	330	330	
86	96.57	Mouse epithelial zinc-finger protein EZF (Zle)	235	235	
87	97.54	unbekannt	189	189	
88	97.54	Human unknown protein mRNA within the p53 intron 1 Homolog	168	866	
89	97.54	unbekannt	224	224	
90	99.94	Homo sapiens chromosome 16 BAC clone CIT987SK-815A9	231	846	s. Spalte Identisch mit / Homolog zu
91	97.54	Human Chromosome 11 Cosmid cSRL16b6	221	223	s. Spalte Identisch mit / Homolog zu
92	98.21	Mouse mRNA for MyD118, a myeloid differentiation primary response gene	204	1374	
93	99.61	Homo sapiens chromosome +16p11.2 BAC clone CIT987SK-A-575C2	224	761	s. Spalte Identisch mit / Homolog zu
94	96.09	unbekannt	225	1825	
95	99.85	Homo sapiens (clone exon trap b207) chromosome 16p13.3	240	1374	s. Spalte Identisch mit / Homolog zu
96	99.03	Caenorhabditis elegans cosmid T15B7	194	2615	

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorgewebe %	Identisch mit /Homolog zu	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Chromosomale Lokalisation
97	99.03	Canis familiaris Sec61-complex gamma-subunit	233	508	
98	97.54	Human DNA sequence from PAC 187N21 on chromosome 6p21.2-6p21.33	197	3588	s. Spalte Identisch mit /Homolog zu
99	99.65	Xenopus laevis mRNA for 146 kDa nuclear protein	197	1218	
100	97.54	unbekannt	125	1303	
101	98.22	Caenorhabditis elegans FER-1 (fer-1)	211	2333	
102	97.54	unbekannt	211	1377	
103	97.54	unbekannt	223	315	
104	98.21	unbekannt	219	2355	
105	97.54	unbekannt	245	1339	
106	96.87	Genomic sequence from Human 13	204	3751	s. Spalte Identisch mit /Homolog zu
107	97.54	unbekannt	220	300	
108	99.03	unbekannt	210	1465	
109	97.68	Homo sapiens DNA from chromosome 19-cosmid F25965	216	1488	s. Spalte Identisch mit /Homolog zu
110	97.54	unbekannt	231	783	
111	99.65	unbekannt	212	1045	
112	97.54	unbekannt	225	1386	
113	99.65	unbekannt	151	1747	
114	97.54	Mouse hexamer repeat sequence (s7) homologous to Drosophila 'period' gene	252	1526	
115	96.09	unbekannt	210	1205	
116	98.94	unbekannt	209	3968	
117	97.54	Caenorhabditis elegans cosmid R08D7	220	798	
118	97.54	unbekannt	297	1068	
119	97.39	unbekannt	303	4584	
120	99.03	Rattus norvegicus AKAP95	243	982	
121	96.57	Sus scrofa mRNA for 17-kDa PKC-potentiated inhibitory protein of PP1	253	742	
122	98.35	unbekannt	310	2330	
123	99.74	Bos taurus supervillin	282	1860	
124	96.09	B.taurus mRNA for bovine vacuolar ATPase subunit A	301	807	
125	99.74	unbekannt	303	1932	
126	97.54	Thermomonospora curvata protein kinase PkwA (pkwA)	281	3024	
127	97.54	Human DNA sequence from cosmid V857G6, between markers DXS366 and DXS87 on chromosome X	300	505	s. Spalte Identisch mit /Homolog zu

## DE 198 18 620 A 1

TABELLE II

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.	
24	128	5
	129	
3	130	10
25	131	
	132	
	133	15
26	134	
	135	
	136	20
27	137	
	138	
	139	25
28	140	
	141	
	142	30
29	143	
30	144	
	145	35
	146	
	147	
	148	40
31	149	
	150	
	151	45
	152	
32	153	
	154	
	155	50
33	156	
	157	
34	158	55
	159	
	160	
35	161	60

65

## DE 198 18 620 A 1

	DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
5	35	162
		163
	36	164
10		165
		166
	37	167
15	38	168
	39	169
		170
20		171
	40	172
		173
25		174
	41	175
		176
30		177
	42	178
		179
35		180
	43	181
	44	182
40		183
		184
	45	185
		186
45		187
	46	188
		189
50		190
	47	191
		192
55		193
	48	194
		195
60		196
	49	197

65



## DE 198 18 620 A 1

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.	
49	198	5
	199	
50	200	
	201	10
	202	
51	203	
	204	15
	205	
52	206	
	207	20
	208	
53	209	
54	210	25
55	211	
56	212	
	213	30
	214	
57	215	
58	216	35
	217	
	218	
59	219	40
60	220	
	221	
	222	
	223	45
61	224	
	225	
62	226	50
	227	
	228	
63	229	55
64	230	
	231	
	232	60
65	233	

65

## DE 198 18 620 A 1

5	DNA-Sequenzen	Peptid-Sequenzen (ORF's)
	Seq. ID. No.	Seq. ID. No.
	66	234
		235
		236
10	67	237
		238
		239
15	68	240
		241
		242
20	69	243
		244
	70	245
25		246
		247
	71	248
30		249
		250
	72	251
35		252
		253
	73	254
40		255
		256
	74	257
45		258
		259
	75	260
50	76	261
		262
		263
55	77	264
	78	265
		266
	79	267
60	80	268
		269

65

## DE 198 18 620 A 1

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.	
80	270	5
81	271	
	272	
	273	10
82	274	
	275	
	276	15
83	277	
	278	
	279	20
84	280	
	281	
	282	25
85	283	
	284	
	285	30
86	286	
	287	
	288	35
87	289	
	290	
	291	40
88	292	
	293	
	294	
89	295	45
	296	
	297	
90	298	50
	299	
	300	
91	301	55
	302	
	303	
92	304	60
93	305	

65

## DE 198 18 620 A 1

	DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
5		306
	94	307
	95	308
10		309
		310
	96	311
15		312
	97	313
		314
20		315
	98	316
		317
25		318
	99	319
	100	320
30		321
	101	322
	102	323
		324
35		325
	103	326
		327
40		328
	104	329
		330
45		331
	105	332
		333
50	106	334
		335
		336
55	107	337
		338
		339
60	108	340
		341

65

# DE 198 18 620 A 1

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.	
108	342	5
109	343	
	344	
	345	10
110	346	
	347	
111	348	15
	349	
	350	
112	351	20
	352	
	353	
113	354	25
114	355	
	356	
	357	30
115	358	
	359	
	360	35
116	361	
	362	
	363	
	364	40
117	365	
	366	
	367	45
118	368	
	369	
	370	50
119	371	
	372	
120	373	55
	374	
121	375	
122	376	60
	377	

65

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
122	378
123	379
	380
	381
124	382
	383
	384
125	385
	386
	387
126	388
127	389
	390

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 127 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No. 128-390 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

## Sequenzprotokoll

## (1) ALLGEMEINE INFORMATION:

## (i) ANMELDER:

- (A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH
- (B) STRASSE: Ihnestrasse 63
- (C) STADT: Berlin
- (E) LAND: Deutschland
- (F) POST CODE (ZIP): D-14195
- (G) TELEFON: (030)-8413 1673
- (H) TELEFAX: (030)-8413 1674

(ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus Blasennormalgewebe

(iii) Anzahl der Sequenzen: 390

## (iv) COMPUTER READABLE FORM:

- (A) MEDIUM TYPE: Floppy disk
- (B) COMPUTER: IBM PC compatible
- (C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
- (D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1722 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

10

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

20

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:1

cgttgaagta gatgcacaac agtgtatgct tgaaatcttg gatactgcag gaacggagca 60  
 atttacagca atgagggatt tatacatgaa aaatggacaa ggatttgcat tagtttattc 120  
 catcacagca cagtccacat ttaacgattt acaagacctg agagaacaga ttcttcgagt 180  
 taagacact gatgatgttc caatgattct tgttggtaat aagtgtgact tgggaagatga 240  
 aagagttgta gggaaggaac aaggtcaaaa tctagcaaga caatggaaca actgtgcatt 300  
 cttagaatct tctgcaaaaat caaaaataaa tgttaatgag atcttttatg acctagtgcg 360  
 gcaaatatac agaaaaactc cagtgcctgg gaaggctcgc aaaaagtcac catgtcagct 420  
 gctttaatat actaaatgca ttgtagctct gagccaggct tgaagaactg ttgcccaatt 480  
 caacagtgcc agcattccaa ctttgttaaa cctaccaaca tcttaaatgg actttcctgt 540  
 ggtggtaccc tttaagaggc ggatgaaagc tactatatca gtttgcacat tctaatact 600  
 ttccagtatc acaagagaga tttttactta tataatagtc cttagagttg cagctggtta 660  
 aaccagaggc tacatccagt attactgcta agagacattc ttcattccacc aatgttgtac 720  
 algtalgaat atggtgtact gtatacttta acatgcccca tactttgtat tggagagtac 780  
 aataatgtaa atcctaaaag caccactatt ttagcataat aaaagaaagt ccaaagagct 840  
 cctatataga ctactccaga taacttcgct tctttgatac ttgtagctta ttgtaatttt 900  
 ttttaagaaa ttcaagggtc ttattattgt acaaaataag cgctttgatt aacacagcta 960  
 tatagttttt ttaattttta aaaaacctgt ggagacggtg atcttgtctt taaaacatga 1020  
 tagtcctttc agtataatgt cttagattaa agacgttgcc tttaatatct gttgggaagg 1080  
 aaatgtccag acttttcaaa tctcttatta tatgtttcct ttttttgttt acatagggaal 1140  
 caatgtttat agtcgtgtgt acagtggggg tctacaacaa gaagtgtata ttttcaaacal 1200  
 attttttaat gatttaacaa tttttgtaaa tcattttcag gcttctgcag ctgtagattc 1260  
 tcaactgtgaa tcccttgctt gctcatgcat aagtgtattt gcaataccaa atatacaggt 1320  
 ttagtatttt tgcctgttag tgattgtttc acatgtgtaa cgttttgggt gagatgttaa 1380  
 atggtggacg agtactgtgg atgtgaatgt gggaagtaat tttaatcata tgtaattggt 1440  
 cacaaggcct aatttgcagt aactattgct gttttattta acaatgcctt gttgctttgt 1500  
 atgcattaat gtttgatgt aaagattgtg tgtctatcca acagggagcc acagtattta 1560  
 aattgaccaa cctaagtta caactacttt gaggtggcca aatgtaaaact aaaagcctta 1620  
 attaaagtgg tgcaattttg tataacttag catcagtagt tcaataaatt tggattgcca 1680  
 tgcaagggct tgcaattataa aaaaaacaa aaaaaaaaaa aa 1722

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

60

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1187 Basenpaare

65

(B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:2

```

cggctcgagg aggcgggtctc ttcgtgcacc cacttgggag ctggaccccc tctcagcaat 60
ggccaccggc cggctgcaca cgacttcccc ctggggcggc actccccagc aggactaccc 120
cgaccctggg tcttgaggaa gtgtgagca gcagggactg tcaccctgcc ctgccgttc 180
ctcccggtt ccatccccac ccggggccca attacccatc cttcctgcc gatcagatgc 240
agccgcaagt cccgccgtc cattaccaag agtcatgcc acccggttcc tgcagccaag 300
aggagccaa gccaaagagg ggaagacgat cgtggccccg gaaaaggacc gccacccaca 360
cttgtgatta cgcgggtgc ggcaaacct acacaaagag ttcccatctc aaggcacacc 420
tgcgaaacca cacagggtgag aaaccttacc actgtgactg ggacggctgt ggatggaaat 480
tcgcccgctc agatgaactg accaggcact accgtaaaaca cacggggcac cgcccggttc 540
agtgcacaaa atgcgaccga gcattttcca ggtcggacca cctcgcctta cacatgaaga 600
ggcattttta aatcccagac agtggatatg acccacactg ccagaagaga attcagtatt 660
ttttactttt cacactgtct tccgatgag ggaaggagcc cagccagaaa gcactacaat 720
catggtcaag ttcccaactg agtcatcttg tgagtggata atcaggaaaa atgaggaatc 780
caaaagacaa aatcaaaga acagatgggg tctgtgactg gatcttctat cattccaatt 840
ctaaatccga cttgaatatt cctggactta caaatgccca aggggggtgac tggaagtgtg 900
ggatatcagg gtataaatta tatccgtgag ttgggggagg gaagaccaga attcccttga 960
attgtgtatt gatgcaatat aagcataaaa gatcaccttg tattctcttt accttctaaa1020
agccattatt atgatgttag aagaagagga agaaattcag gtacagaaaa ccatgtttaa1080
atagccta at gatggtgtt gtgagcttg tcctaaagg cccaacaagg gagccaaagg1140
tttaaactgc tggatccttg gcaaggggaa atctgtgtt ttttccg 1187

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1478 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN



(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:3

```

gcgaacccgc gcgctgcccg gtcctgcgct gccagcggg aggggctgga ccccgcggtc 60
ctcctccctg ccggtcccca tccttaaagc gagagtctgg acgccccgcc tgtgggagag 120
agcgccggga tccggacggg gagcaaccgg ggcaggccgt gccggctgag gaggctctga 180
ggctacagag ctgccgcggc tggcacacga gcgcctcggc actaaccgag tggttcgagg 240
ggctgtgagg ggaggggccc gggcgcatt gctggcggtg ggagcgccgc ccggtctcag 300
ccggccctcg gctgctctcc tcctccggtc gggagggggc gtagctcggg gccgtcgcca 360
gccccggccc gggtcgcaga atcaagggcc tcggccggcg tccgcagct cagtccatcg 420
cccttgccgg gcagcccggg cagagaccat gtttgaçaag acgcggtgc cgtacgtggc 480
cctcgatgtg ctctgcgtgt tgctggctgg attgcctttt gcaattctta cttcaaggca 540
taccctcttc caacgaggag tattctgtaa tgatgagtcc atçaagtacc cttacaaaga 600
agacaccata ccttatgcgt tattaggtgg aataatcatt ccatcagta ttatcgttat 660
tattcttgga gaaacctgt ctgtttactg taaccttttg cactcaaatt cctttatcag 720
gaataactac atagccacta ttacaaagc cattggaacc tttttatttg gtgcagctgc 780
tagtcagtcc ctgactgaca ttgccaagta ttcaataggc agactgcggc ctcacttctt 840
ggatgtttgt gatccagatt ggtcaaaaat caactgcagc gatggttaca ttgaatacta 900
catatgtcga gggaatgcag aaagagttaa ggaaggcagg ttgtccttct attcaggcca 960
ctcttcgttt tccatgtact gcatgctgtt tgtggcactt tatcttcaag ccaggatgaa1020
gggagactgg gcaagactct tacgccccac actgcaattt ggtcttggtg ccgtatccat1080
ttatgtgggc ctttctcgag tttctgatta taaacaccac tggagcgatg tgttgactgg1140
actcattcag ggagctcttg ttgcaatatt agttgctgta tatgtatcgg atttcttcaa1200
agaaagaact tcttttaaag aaagaaaaga ggaggactct catacaactc tgcataaaac1260
accaacaact gggaatcact atccgagcaa tcaccagcct tgaaaggcag cagggtgcc1320
aggtgaagct ggcctgtttt cttaaaggaaa atgattgccca caaggcaaga gggatgcatc1380
tttcttctcg ggtgtacaag ccctttttaa gaccttctgc tggctgcgat gcctcttgga1440
atgcacagtt gtgtgtaaca gagttacctt aactcgtg 1478

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 411 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:4

```

gccacatttc cgggggttttg cggggcccgcc gatgtttttcc agagcttttc aagtgggaag 60
aggagagcga caacgtgaaa atgccccgtg ccggggcgctc caccggagtc ctgccagctg120
tccggcgctg ggggtggacgt ctgatttatg aagctcccca tccacctatc tgagtacctg180
acttctcagg actgacacct acagcatcag gtacacagct tctcctagca tgacttcgat240
ctgatcagca aacaagaaaa tttgtctccc gtagttctgg ggcgtgttca ccacctacaa300
ccacagagct gtcatggctg ccatctctac ttccatccct gtaatttcac agccccagtt360
cacagccatg aatgaaccac agtgcttcta caacgagtc attgccttct t 411

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1775 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5

```

aaaaacctat gatagtataa ctttgcataa gcctactgaa tgataggaaa gtttttagtt 60
tcttatcaaa gaaagagaat aaagtgtttt tttttttcag tttcacattg acatttttat 120
taacgccaac tgttttttta ttattttttt aaaacaatag cacaaaaatg tttcaaggaa 180
gcagtctcac aatctgatga ctttctgaaa taccgttaag ccacaccaa tatgaatttc 240
tgtaataaac acaaaatatt tttttaagaa aaaaagaaaa aaaaggtagg gaaagaagaa 300
gggaatgaga ttttagattta aaactcattg gattaaatag gtgaggctta ttagtaggat 360
atactgttga agcaaacagt ggcacacaca ggcttacagt ctttgttttt taaaccagtt 420
accactaatg tattaagccc tgcagcagtt accactgact tctcgcacgc ataaaaatgaa 480
ccgggagaag ccagtgttga tactgttgtg aagagggtca agagctggct tttcagacaa 540
ctaagaccat ttttagcaga ataactcctt cagaaaggcc tggctgaaga tctttttatt 600
tctattgtct cacctatata aatttcaggg ttcttataag tcatctttaa aaagaaaaaa 660
ataatgtata tcagtttctc ttatttaatg tggctatgaa agatgtttcc ttattatttc 720
ttcatctcta agaaggacac cagggaatgg ggggtggggg tggaactaaa gggaggaaaa 780
aaaccagaac agggtaggtt tttgtttttt gctttttgtt tttttttggc caaggggtcg 840
gtcacacaga agggaaggca aggaggaaaa ctaaactaca atccttggtt cagattgagt 900
tatgcaggaa tatatcttcc tgatcagtc ccgtgccaaa aaaaaaaaaa gccacttgga 960
attatgcact gactccaact atgtgatacc agctatcagc cttttgtgtt taaccattcc1020

```

# DE 198 18 620 A 1

```

cagaaatgga caccaccctt ggctttatag gctccttgca gaaccacatt cacaaaaatg1090
ctcttcacca agaagcctct agtttccctt tggtaggtta taaraacaga acatctgtca1140
ttaacagtag agtggttaaat acttttaacc actgacaagg cttcagaaaag tttcacagtt1200
tcgttatgct ctatttttatt actatcatat ttacattttt atttttttatt tattttttgcl260
tgaattgctg attttccctt ttcaatagaa tttaattctg gagtgtgagc aggaaccagt1320
taactacatt cattgtccaa cccccactgg tttgaaagaa gactccaaat tcttggcata1380
tgaatcagct gttcggtagc tccaccttat ccctgcagcg aagcagcaga accgccaatg1440
gcggcacctc aggattcaca ctgtgggtgg tgaggccttc cgctgaagga ggtactggtg1500
gatgctctca gcctctcgtt ttagccaggc agcattcagc agaataatttt cacaacactg1560
ctggatggta cgctcagctg aaggagctgg gtgactctcg aagaaagcct taacctctcc1620
agccattttta tcaactgcaa atccctcaac tgatagctgc aaaacaatgg ttttaaacag1680
taagtgaac caagaggctg agaacaaact tccatttacc ctaaaaataa ataaatataa1740
tgctcgaggc cccaatata atagtagtag gg9ga

```

1775

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3181 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6

```

cggtggtgggt gggagcaggg ggggacagtg ccccggaac ccggtgggtc acacacacgc 60
actgcgcctg tcagtagtg acattgtaat ccagtcggct tgttcttgca gcattccgc 120
tcccttccct ccatagccac gctccaaacc ccagggtagc catggccggg taaagcaagg 180
gccatttaga ttaggaagg ttttaagatc cgcaatgtgg agcagcagcc actgcacagg 240
aggaggtgac aaaccatttc caacagcaac acagccacta aaacacaaaa aggggggattg 300
ggcggaaagt gagagccagc agcaaaaact acattttgca acttgttggg gtggatctat 360
tggctgatct atgcctttca actagaaaat tctaattgatt ggcaagtcac gttgttttca 420
ggtccagagt agtttctttc tgtctgcttt aatggaaac agactcatac cacacttaca 480
attaaggtca agcccagaaa gtgataagtg caggaggaa aagtgaagt ccattatgta 540
atagtgacag caaagggacc aggggagagg cattgccttc tctgccaca gtcttccgt 600
gtgatgtct ttgaatctga atcagccagt ctcagatgcc ccaaagtttc ggttcctatg 660
agcccggggc atgatctgat ccccaagaca tgtggagggg cagcctgtgc ctgcctttgt 720
gtcagaaaaa ggaaccaca gtgagcctga gagagacggc gattttcggg ctgagaaggc 780
agtagttttc aaaacacata gttaaaaaag aaacaaatga aaaaaatttt agaacagtcc 840
agcaatttc tagtcagggt gaattgtgaa attgggtgaa gagcttagga ttctaatttc 900
atgttttttc cttttcacat ttttaaaaga acaatgacaa acaccactt atttttcaag 960
gttttaaac agtctacatt gagcatttga aaggcgtgct agaacaagg ctctgatcc1020
gtccgaggct gcttccaga ggagcagctc tccccaggca tttgccaagg gaggcggatt1080
tccctggtag tgtagctgtg tggctttcct tctgaagag tccgtggttg ccctagaacc1140

```

# DE 198 18 620 A 1

```

taacaccccc tagcaaaact cacagagcct tccgtttttt tctttcctgt aaagaaacat1200
ttccttttgaa cttgattgcc tatggatcaa agacatttcag aacagcctgc ctgtccccc1260
gcacttttta catatatttg tttcatttct gcagatggaa agttgacatg ggtggggtgt1320
5 ccccatccag cgagagagtt tcaaaagcaa aacatctctg cagtttttcc caagtaccct1380
gagatacttc ccaaagccct tatgtttaat cagcagtgta tataagccag ttcacttagal1440
caacttttacc cttcttgtcc aatgtacagg aagtagttct aaaaaaatg catattaatt1500
tcttcccca aagccgatt ctttaattctc tgcaacactt tgaggacatt tatgattgtc1560
cctctgggccc aatgcttata cccagtggag atgctgcagt gaggctgtaa agtggccccc1620
10 tgcggcccta gcctgaccgg gaggaagga tggtagattc tgttaactct tgaagactcc1680
agtatgaaaa tcagcatgcc cgcctagtta cctaccggag agttatcctg ataaattaac1740
ctctcacagt tagtgatcct gtccttttaa cacctttttt gtggggttct ctctgacctt1800
tcatcgtaaa gtgctgggga ccttaagtga tttgcctgta attttgatg attaaaaaat1860
gtgtatatat attagctaatt tagaaatatt ctacttctct gttgtcaaac tgaaattcag1920
15 agcaagttcc tgagtgcgtg gatctgggtc ttagtctctg ttgattcact caagagttca1980
gtgctcatat gtatctgtct attttgacaa agtgccctcat gcaaccgggc cctctctctg2040
cggcagagtc cttagtggag gggtttacct ggaacattag tagttaccac agaatacga2100
agagcaggtg actgtgctgt gcagctctct aatgggaat tctcaggtag gaagcaacga2160
cttcagaaag agctcaaaat aaattggaaa tgtgaatcgc agctgtgggt tttaccaccg2220
20 tctgtctcag agtcccagga ccttgagtgt cattaagtac tttattgaag gtttttagacc2280
catagcagct ttgtctctgt cacatcagca atttcagaac caaaagggag gctctctgta2340
ggcacagagc tgcactatca cgagcctttg tttttctcca caaagtatct aacaaaacca2400
atgtgcagac tgattggcct ggtcattggt ctccgagaga ggaggtttgc ctgtgatttc2460
ctaattatcg ctagggccaa ggtgggattt gtaaagcttt acaataatca ttctggatag2520
25 agtcctggga ggtccttggc agaactcagt taaatctttg aagaatattt gtagttatct2580
tagaagatag catgggaggt gaggattcca aaaacatttt atttttaaaa tatcctgtgt2640
aacacttggc tcttggtacc tgtgggtag catcaagttc tcccaggggt agaattcaat2700
cagagctcca gtttgcatth ggatgtgtaa attacagtaa tcccatttcc caaacctaaa2760
atctgttttt ctcatcagac tctgagtaac tgggtgctgt gtcataactt catagatgca2820
30 ggaggctcag gtgatctgtt tgaggagagc accctaggca gcctgcaggg aataacatac2880
tggccgttct gacctgttgc cagcagatac acaggacatg gatgaaattc ccgtttcctc2940
tagttttctt ctgtagtact cctcttttag atccctaagtc tcttacaaaa gctttgaata3000
ctgtgaaaaat gttttacatt ccatttcatt tgtgtgttt ttttaactgc attttaccag3060
atgttttgat gttatcgctt atgttaatat taattccggt acgtgttcat tttattttca3120
35 tgctttttca gccatgtatc aatattcact tgactaaaat cactcaatta atcaataaaa3180
a

```

## 40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1964 Basenpaare

45 (B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

60 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

65 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:7

gcaacatgtc	tgccaccaac	attggcattc	ctcacacgca	gagattgcaa	gggcaaattgc	60	
cagtgaaggg	gcacatttcc	atccgctcca	agtctgcgcc	actgccctct	gcggctgtctc	120	5
accagcagca	gctgtatggc	cgtagcccat	cggcagttgc	catgcaggct	ggccctcgcg	180	
cactggctgt	tcagcgtggc	atgaacatgg	gggttaattct	gatgcctact	cccgcctata	240	
atgtcaattc	catgaatatg	aacaccttga	atgccatgaa	cagctatcga	atgacacagc	300	
ccatgatgaa	cagcagttac	catagtaacc	ctgcctacat	gaaccagaca	gcacagtatc	360	
ctatgcagat	gcagatggga	atgatgggga	gccaggccta	taccagcag	cctatgcagc	420	10
ctaaccctca	tgggaacatg	atgtacacag	gcccctcca	tcacagctac	atgaacgctg	480	
ctggcgtgcc	caagcagtca	ctcaacggac	cttacatgag	aagatgagca	agatgaactt	540	
gcaatcaaaa	acttaaatat	atataaataa	aggaaccttt	tatactgaca	aaccagagaa	600	
aaatggacct	ttttccagtt	aaaatatgtc	tgtagattta	gaggaatttt	tctttgggtt	660	
attttatttt	ttagaaaacc	tgatcttctc	tttttttggg	ttcattttgt	tctgggtttt	720	15
ggttttcttc	acaatcttga	acatttttaca	gtagaactca	tctaaaaatg	gatttgggga	780	
tggggaaaca	tgcacaaaat	cttttcataa	ttaaaaagag	ccttactttc	tttacatacc	840	
acatggacag	aatttgtgta	aaagtgaatt	atctttattt	taaaatgtat	gtttcccttc	900	
actgtttgca	gctcccaatg	ttgtcatttt	taaatgttat	atacatctca	agggttaacc	960	20
agaccctttc	ctccaaacc	aacctttcat	ttctacttct	attccagcag	gaggcactta	1020	
ggggagactc	ggatggggac	atggagaaca	acccaagctc	cttaaaactat	taaagtgagg	1080	
caggaaaatg	cttctccttt	taaaatcccc	tccactcctc	acacacacac	acctcttga	1140	
acccttcccc	aagaatgttt	ctttatagac	ggacttcatt	gaaatctttg	ttgttcttga	1200	
atcaagtgtg	atataatttt	tttcttcttt	tttaaaatat	tccactcag	cactcagaga	1260	25
cacaaaaata	ctgtaagtct	caattaacag	cagaatctca	gagaaaagct	gtttgcaatc	1320	
caaatccagc	ctttggagga	atagagatgg	tcaattaaca	atcaaaaaga	ggagattaac	1380	
ctcttggttt	tttaccacct	ggatgaatcag	ccataacgca	cacacacgcc	acccagcctc	1440	
ttgtttctag	tatgtacttt	gaaatgctaa	ctgaggggtct	tgatgcttga	gcctttgact	1500	
gataaaactc	aaatagcagt	ccccagtgat	ttgcctctta	ggttctttct	taaattgttg	1560	30
gtggatgact	gtacatttta	gtgatttgaa	aaataactga	caaaccattg	aaacagttta	1620	
ttttatgttg	gaagagatgg	cgcagatgtg	tgtcagaagg	gagatcacgg	tgtgagtttc	1680	
gtagctattt	aagtgatata	tacctctagt	ttttgtatgt	cttttgagat	cctgagttca	1740	
tcccctgtga	atcagagtgc	acaagcacct	ctcctgtgag	tggctaataa	gaagagggac	1800	
agaccgacca	ccagcacagt	agggcagatc	tggacagcag	aatgttataa	cgcaagttca	1860	35
tgtgttgctc	ccaactccat	tctcttttct	ctcgtgcaac	cagtttgccc	attctcttcc	1920	
tattacttgc	tccagggata	ggtaaaaaaa	aaaaaaaaaa	aaaa		1964	

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1702 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8

5

```

ggacacccca ggtatgtgga cgagcagttc ctgtcacgcc tcttcctatt tgtggccctg 60
gtgatcatgt tctggctcct gattgcctaa tgctgggctc ctgcgtacat ccgtggcagg 120
gctctggaact ggtgacgtgc caccccaact cctgggtgtt ggcttctctg ctaatcttga 180
ctcctggaat cagtgggatc agtaaacat caaggagtct tgtttcttca tcagagcttt 240
ggaactcgag accagttggc gatgaccctt gaatatcgcc accgctgtaa acactctata 300
acttcaggcc ttggcattga gtcctctctc atgggtgaca ccatgaaatc ttgtttcagc 360
cagttctgca ggtcctgact ctgcagaggg aagaggcaga aagagagaaa ctgtcagagt 420
ataatttcac ctgagtttaa tattacagaa acaaagggat gcaccaaata gtatttctgg 480
aaattttcat gtctttaaat accccttggg aagttgcttc tgaagccagt gggggctcct 540
cagatagaga ggttcccctt tcaaatccca gtgccgtctt gttctctttc cttcccctcc 600
cactccccct cttcttcttc tgtagagatg caagaaattg ctgtcccata aaaatcataa 660
ttgcagtagc taaagctggg gtcacttcgt gaattcacca gagactcaaa gatcttttat 720
tggctctggg ctgtgctcag tgtctttggc ctcagagAAC aacttgaatg acttctggg 780
ttcctggcat aaattattcc tggtagagac tgtggcttaa ctcacagggt tcccatcagc 840
tttctcccta aaactatgtt catctgcctc tctctgccag agaacataca gccgagaata 900
ctgccgaagc tgagactgac tactgtgcat taggaaagac ctggagtcag gactttggtg 960
ggatttggag ctccgaggca gtaataactg aacaagcagc cctgtcccct aggetgcaga1020
agcttgaatg catcctctcc cagaacctgc cacaggaaac tgggggcttt gtcaggtcag1080
cccaactgca tgcaaaagac caccatcctc agaagccaag ttgtctttta tgaagaggca1140
aggaaagggg aaaccacat gtgacctga ttttggtatg gcttgataga gttccctgaal200
aactccttgt atgtgtgcta aaaccaggga agcatgtgac tgccaagcag gcaaccctg1260
atgatttgta aagccagggt gcagggcctt ggggagcccc agcacaatga tattgtgtgg1320
tcttccctcc tgtggaatcg aggggaaatt attcttccca ataccttgat ttgattttca1380
gtttcataag cttcttcttc tgaatcttat tgagggacta tggtagcaag caggtaggac1440
tgttcacctg gtggaacagt tcttgctctg cttcttaggc ttcatcccag aaatccagcc1500
tctttctgga gaccccaaag ctggaggagg atgggctttc ctctgggcct ctcttctac1560
tttgccatcc acactgctcc tggctaacc cagcaagaac caacaaatgg gtagggaagc1620
cccatctaata tggctttttt tcttcaatta tggacgtgca ttgttttggg tgggaacaaa1680
aggttttgga ggggagatgt gg 1702

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2067 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

45

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

65

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9

```

gccgcaggct cccgggtgttc ccatttcgag aggagctcct ggctgctatt gcaaatacc 60
aagtcctcat cattgaaggc gagacagggt cagggaagac caccagatc ccgcagtatc 120
tctttgagga gggttatata aacaagggt tgaagattgc ctgcaccaa ccccgagag 180
tggctgccat gagtgtggcc gcccgagtgg cccgggagat ggggtggaag cttgggaatg 240
aggttggeta cagcatccgc tttgaggact gcacatcaga gcgaactgtc ctccgctaca 300
tgacagatgg gatgcttctc cgggagttcc tctctgagcc tgacctggcg agttacagcg 360
tggatgaggc cagcaaagga ccctacacac agacattctc tttggattga 420
tcaaggatgt tgctcgcttc cgacctgagc tcaaggctct ggtggcttca gccacaatgg 480
acactgcccg tttttccacc ttctttgatg acgcccctgt gtttcgaatc cccggacgca 540
ggtttcctgt ggacatcttc tacaccaagg ctccagaggc tgactacttg gaagcttctg 600
tagtatctgt gttgcagatc catgtgacct agccccctgg ggatatacctg gtgttcctga 660
caggacagga ggagattgag gctgccttg agatgtcca ggatcgctgc cgccgctgg 720
gctccaaaat ccgggagctc ctggtgctgc ccatttatgc caatctgccc tctgacatgc 780
aggcccgat cttccagccc acaccacctg gggcacgaaa ggtggttctg gcaacgaaca 840
ttgctgagac atcaactacc attgagggca tcatatatgt gctggatcca gggttctgta 900
agcagaagag ctacaacccc cgcacaggca tggaaatcgt cactgtcaca ccctgcagca 960
aggcctcagc caatcagcga gctggcaggc caggctcggg ggctgcaggg aagtgttcc1020
gcctgtatac cgcctgggcc tatcagcacg agcttgagga aaccacagtg cctgagatcc1080
agaggaccag cttgggcaat gtcgtgttgc tgcctcaagag cttagggatc catgacctaa1140
tgacttttga tttcctggac cctccaccat atgagacact gctgctggct ttggagcagc1200
tgratgctct gggagccctc aaccaccttg gggagctcac cacgtctggt cgaaagatgg1260
cagagctgcc ggtggacccc atgctgtcca aaatgatctt agcctctgag aagtacagct1320
gttcagagga gatcctgaca gtggctgcca tgcctctgt caacaactcc atcttctacc1380
gaccaaagga caaggtcgtc catgctgaca atgcccgtgt caacttcttt ctccctggcg1440
gtgaccacct ggttctgcta aatgtttaca cacagtgggc tgagagtggg tactcttccc1500
agtgggtgcta tgagaacttt gtacagttca gatcgatgcg ccgagcccg gatgtgcggg1560
aacagctgga agggctcttg gaacgtgtgg aagttggtct cagttcctgc cagggggact1620
atatcctgt acgcaaggcc atcactgctg gttactttta ccacacggca cggttgactc1680
ggagtggcta ccgcacagtg aaacagcagc agacagctct cattcatccc aactcctccc1740
tctttgagca acagccacgc tggctgctct accacgaact tgtcttgacc accaaagagt1800
lcalgagaca ggtactggag attgagagca gttggcttct ggaggtggct cccattatt1860
ataagcccaa ggaagctagaa gatcccatg ctaagaaaat gcccaaaaa ataggcaaaa1920
caggaaga gctagggtaa gagaaggacg taaacagaac ctgacaccag ctccctttcc1980
ttctatcat rarttaatac ctattaaata aaattatttt tggataaaag cttgtgggaa2040
catttcggtat ctaaaaaaaa aaaaaaa
2067

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1302 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

# DE 198 18 620 A 1

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10

```

ctcgagtgga acccatactt gctgggtctga tccatgcaca aggcggggct gctaggcctc 60
tgtgcccggg cttggaattc ggtgoggatg gccagctccg ggatgaccgg ccgggacccg 120
ctcgcaaata aggtggccct ggtaacggcc tccaccgacg ggatcggtct cgccatcgcc 180
cggcgtttgg cccaggacgg ggcccatgtg gtcgtcagca gccggaagca gcagaatgtg 240
gaccaggcgg tggccacgct gcagggggag gggctgagcg tgacgggcac cgtgtgccat 300
gtggggaagg cggaggaccg ggagcggctg gtggccacgg ctgtgaagct tcatggaggt 360
atcgatatcc tagtctccaa tgctgtgtc aacccttct ttggaagcat aatggatgtc 420
actgaggagg tgtgggacaa gactctggac attaatgtga aggccccagc cctgatgaca 480
aaggcagtgg tgccagaaat ggagaaacga ggaggcggct cagtggatg cgtgtcttcc 540
atagcagcct tcagtccatc tcctggcttc agtccttaca atgtcagtaa aacagccttg 600
ctgggcctga ccaagaccct ggccatagag ctggcccaa ggaacattag ggtgaactgc 660
ctagcacctg gacttatcaa gactagcttc agcaggatgc tctggatgga caaggaaaaa 720
gaggaaagca tgaagaaac cctgcgata agaaggtag gcgagccaga ggattgtgct 780
ggcatcgtgt ctttctgtg ctctgaagat gccagctaca tctactggga aacagtgggtg 840
gtgggtggag gaaccgcgtc ccgectctga ggaccgggag acagcccaca ggccagagtt 900
gggctctagc tcctgggtgt gttcctgcat tcacccactg gcctttccca cctctgtca 960
ccttactgtt cactcatca aatcagttct gcctgtgaa aagatccagc cttccctgcc1020
gtcaagggtg cgtcttactc gggattcctg ctgttgtgt ggccttgggt aaaggcctcc1080
cctgagaaca caggacaggc ctgctgacaa ggctgagtct accttggcaa agaccaagat1140
atttttctc gggccactgg ggaatctgag gggatgagg agagaaggaa cctggagtgg1200
aaggagcaga gttgcaaatt aacaacttgc aaatgagggtg caaataaaat gcagatgatt1260
gcgcggcttt gaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aa 1302

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1254 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11

```

tgggcccgcg ccgaaccccg cgcgccactc gctcgctcag agggaggaga aagtggcgag 60
ttccggatcc ctgcctagcg cggcccaacc tttactccag agatcatggc tgccgaggat 120

```



# DE 198 18 620 A 1

gtggtggcga	ctggcgccga	cccaagcgat	ctggagagcg	gcggtgctgt	gcatgagatt	180	
ttcacgtcgc	cgctcaacct	gctgctgctt	ggcctctgca	tcttcctgct	ctacaagatc	240	
gtgcgcgggg	accagccggc	ggccagcggc	gacaggacga	cgacgagccg	ccccctctgc	300	
cccgcctcaa	gcggcgcgac	ttcaccctcg	cggagctgcg	gcgcttcgac	ggcgtccagg	360	5
acccgcgcac	actcatggcc	atcaacggca	aggtgttcga	tgtgaccaa	ggccgcaaat	420	
tctacggggc	cgagggggcg	tatgggtctt	ttgctggaag	agatgcatcc	aggggccttg	480	
ccacatcttg	cctggataag	gaagcactga	aggatgagta	cgatgacctt	tctgacctca	540	
ctgctgcccc	gcaggagact	ctgagtgact	gggagtctca	gttcaacttc	aagtatcatc	600	
acgtgggcaa	actgctgaag	gagggggagg	agcccactgt	gtactcagat	gaggaagaac	660	10
caaaagatga	gagtgcctcg	aaaaatgatt	aaagcattca	gtggaagtat	atctatcttt	720	
gtatctttgca	aaatcatttg	taacagtcca	ctctgtcttt	aaaacatagt	gattacaata	780	
tttagaaaagt	tttgagcact	tgctataagt	tttttaatta	acatcactag	tgacactaat	840	
aaaattaact	tcttagaatg	catgatgtgt	ttgtgtgtca	caaatccaga	aagtgaactg	900	
cagtgtgtga	atacacatgt	taatactgtt	tttcttctat	ctgtagttag	tacaggatga	960	15
atctaaatgt	gtttttcctg	agagacaagg	aagacttggg	tatttcccaa	aacaggtaaa	1020	
aatcttaaat	gtgcaccaag	agcaaaaggat	caacttttag	tcatgatgtt	ctgtaaagac	1080	
aacaaatccc	tttttttttc	tcaattgact	taactgcatg	atttctgttt	tatctacctc	1140	
taaagcaaat	ctgcagtgtt	ccaaagactt	ttggtatgga	taagcactag	gccgctgtcc	1200	
cggtaaccaa	aatggaaatc	ttccaaaaca	ggaggctcag	gctggccaaa	aagg	1254	20

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2548 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12

gccgcagccc	tcatctgcca	cgcagctctg	gttgagagctg	ttgtcttgta	tgctcagcga	60	
ggcccggaga	gacccgggag	agagctaggc	cgagtcacac	gcccagagtct	gctgcccag	120	
cccgcgttac	gcacaaagcc	gccgatcccc	ggcctggggg	gagcagagcg	accaccgccc	180	55
gggagcagcg	cggcgagacg	cacggtgcgc	cctatgcccc	cgcgccccca	ccgcccccg	240	
cgcggcagcc	gaagcgcagc	gagagaacgc	gccaccgagg	ggcccgggtg	cagctagcga	300	
ccctctcgcc	acctgcgcgc	agcccagagt	gagcagttag	cgccgagcgg	gagggcagcg	360	
aggcgttcgc	gggccccctc	ctgctgcccc	ggcccggccc	tcatggcggc	catccgcaag	420	
aagctggtgg	tggtgggcga	cggcgcgtgt	ggcaagacgt	gcctgctgat	cgtgttcagt	480	60
aaggacgagt	tccccgaggt	gtacgtgccc	accgtcttcg	agaactatgt	ggccgacatt	540	
gaggtggacg	gcaagcaggt	ggaggtggcg	ctgtgggaca	cgccggggcca	ggaggactac	600	
gacccgctgc	ggccgctctc	ctacccggac	accgacgtca	ttctcatgtg	cttctcggtg	660	
gacagcccgg	actcgtcgga	gaacatcccc	gagaagtggg	tccccgaggt	gaagcacttc	720	
tgtcccaatg	tgcccatcat	cctggtggcc	aacaaaaaag	acctgcgcag	gacgagcatg	780	65

```

tccgcacaga gctggcccgcc atgaagcagg aaccctgtgc caccgatgac ggccgcgcga 840
tggccgtgcg catccaagcc tacgactacc tcgagtgtct tgccaagacc aaggaaggcg 900
tgccgcgaggt cttcgagacg gccacgcgcg ccgdcgtgca gaagcgctac ggctcccaga 960
5 acggtgcat caactgctgc aaggtgctat gagggccgcg cccgtcgcgc ctgcccctgc1020
cggcacggct cccctctctg gaccagtccc ccgcgagccc ggagaagggg agaccctgt1080
cccacaagga cccacccggc ctgcctggca tctgtctgct gacgcctctg gcttgcccal1140
ggacttgcg tgggcaccgg gcgcccccat cccagtgtct gtgtgcgtcc agctgtgttg1200
cacaggcctg ggctccccac tgagtgccaa gggctcccctg agcatgcttt tctgaagagc1260
10 cgggcctcag agtgtgtggc tgtgtgtctg ttcgactccc ctgcgcccat tttcaccccal1320
ccccgcctc tgatccccgg gggcgagatt ggcgcgagg tgtggccgcg ccccatcaga1380
tgttcgccct tcaccagcgg gagcttgata tcccttgtct gtaacataga ccccggttac1440
tgccggaggg gagggctgct ggggaggatg gggggatgtt atataaatat agatataatt1500
ttattttcgg agctaagatg gtgttattta aggggtgtga tgggtgagcg ctctggcccal1560
15 ggctgggcca gactcccgc caagcatgaa caggacttga ccctcttcc aaccctggg1620
gaagacattt gcaactgact tggggaggac acagcttcag cacagcctct cctgcccggc1680
agcccgctgc gaacctcca ccagctaccg gagggaggag ggaggatgct ctgtggggtt1740
gtttttgcca taagcgaact ttgtgcctgt cctagaagtg aaaattgttc agtccaagaa1800
actgatgtta tttgatttat ttaaaggcta aaatttgttt ttttattctt tgcacaattg1860
20 tttcattgtt tgacacttaa tgactcgtc atttgcatat gacagtagca ttctgaccac1920
acttgtagcg tgtaacctca tctacttctg atgtttttaa aaaatgactt ttaacaagga1980
gagggaagaa aaaccgacta aattttgctt tgtttccttg aagaatgtgg caacactgtt2040
ttgtgatttt atttgtgcag gtcatgcaca cagttttgat aaagggcagt aacaagtatt2100
ggggcctatt tttttttttt tccacaaggc attctctaaa gctatgtgaa attttctctg2160
25 cacctctgta cagagaatac acctgcccct gtatatcctt tttcccccct cctccctcc2220
cagtggtagt tctactaaat tgtgtcttg tttttatttt tttaaataaa ctgacaaatg2280
acaaaatggg gagcttatga tgtttacata aaagttctat aagctgtgta tacagttttt2340
tatgtaaaat gatgaaaagac tatgatgatg acatttttat aaaagaaatc ttgtgggtta2400
atagtgtgta aaaaatccct tgtgaatttg gaacaaggga gatattctcc taggcgagat2460
30 cctttcttc caactccctt tcccttatag caaatgtagt aaatgaggat gaagtccttt2520
tgagagcatg tgggggttg gtgaccaa 2548

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

35

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1673 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

40

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

55

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

60

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13

65

```

accaatgcac atgtagtaat caaatgtttg gggctagata ttatgggtata caaaaaacat 60
taaaatcatg tggtttgcaa gcaaagcaaa catttttgcc aatgtttgca aattggccac 120
aaccacaaat tcaagaaatt ttttaaaaag acaaaaagcca gcttacaaag atttgaccaa 180

```

# DE 198 18 620 A 1

taaaaccct	cgagcccaca	gccttatcag	ctgggggtga	gggaagactg	gtctaggtgc	240
tgctcctgaa	cttgggtctct	gagccatggc	ttcccataga	cactcaggtc	cctccagcta	300
caaggtgggc	accatggcgg	agaagtttga	ctgccactac	tgcagggatc	ccttgcaggg	360
gaagaagtat	gtgcaaaaagg	atggccacca	ctgctgcctg	aaatgctttg	acaagttctg	420
tgccaacacc	tgtgtggaat	gccgcaagcc	catcgggtgcg	gactccaagg	aggtgcacta	480
taagaaccgc	ttctggcatg	acacctgctt	ccgctgtgcc	aagtgccttc	accccttggc	540
caatgagacc	tttgtggcca	aggacaacaa	gatcctgtgc	aacaagtgca	ccactcggga	600
ggactcccc	aagtgcàagg	ggtgcttcaa	ggccattgtg	gcaggagatc	aaaacgtgga	660
gtacaagggg	accgtctggc	acaaagactg	cttcacctgt	agtaactgca	agcaagtcac	720
cgggactgga	agcttcttcc	ctaaagggga	ggacttctac	tgcgtgactt	gccatgagac	780
caagtttgcc	aagcattgcg	tgaagtgcaa	caaggccatc	acatctggag	gaatcactta	840
ccaggatcag	ccctggcatg	ccgattgctt	tgtgtgtgtt	acctgctcta	agaagctggc	900
tgggcagcgt	ttcaccgctg	tggaggacca	gtattactgc	gtggattgct	acaagaactt	960
tgtggccaag	aagtgtgctg	gatgcaagaa	ccccatcact	gggtttggta	aaggctccag	1020
tgtgtgtggc	tatgaaggac	aatcctggca	cgactactgc	ttccactgca	aaaaatgctc	1080
cgtgaatctg	gccacaagac	gctttgtttt	ccaccaggag	caagtgtatt	gtcccgaactg	1140
tgccaaaaag	ctgtaaaactg	acaggggctc	ctgtcctgta	aaatggcatt	tgaatctcgt	1200
tctttgtgtc	cttactttct	gccctatacc	atcaataggg	gaagagtggg	ccttcccttc	1260
tttaaagttc	tccttccgtc	ttttctccca	ttttacagta	ttactcaaat	aagggcacac	1320
agtgatcata	ttagcattta	gcaaaaagca	accctgcagc	aaagtgaatt	tctgtccggc	1380
tgcaatttta	aaatgaaaac	ttaggtagat	tgactcttct	gcatgtttct	catagagcag	1440
aaaagtgtca	atcatttagc	cacttagtga	tgtaaagcaag	aagcatagga	gataaaacct	1500
ccactgagat	gcctctcatg	cctcagctgg	gacccaccgt	gtagacacac	gacatgcaag	1560
agttgcagcg	gctgctccaa	ctcactgctt	caccccggtt	ctgtggagcc	gggagaaggg	1620
acctacttgg	accatggcat	ggggtaact	ttcctcatca	ggactctggc	cct	1673

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1593 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 14

ggggccagga	cgccgcccgg	cgcgagtg	ctgcctg	cggggacact	cagagcccgg	60
tgggcgggag	gaaggcgga	tgcccagac	ggatgctc	ccgggcccgt	cgccctgggg	120
cttcaggctc	tcagggggca	tagacttcaa	ccagccttg	gtcatcacca	ggattacacc	180
aggaagcaag	gcggcactgc	caacctgtgt	cctggagatg	tcatcctggc	tattgacggc	240
tttgggacag	agtccatgac	tcatgctgat	gcgcaggaca	ggattaaagc	agcagctcac	300
cagctgtgtc	tcaaaattga	caggggagaa	actcacttat	gggtctccaca	agtatctgaa	360
gatgggaaag	cccatccttt	caaaatcaac	ttagaatcag	aaccacagga	attcaaacc	420

# DE 198 18 620 A 1

```

attggtaccg cgacacaacag aagggcccag ccttttgttg cagctccaaa cattgatgac 480
aaaagacagg tagtgagcgc ttccctataac tcgcccaactg ggctcttattc aactagcaat 540
atacaagatg cgcttcacgg acagctgcgg ggtctcattc ctagctcacc tcaaaacgag 600
5 cccacagcct cgggtgcccc cgagtcggac gtgtaccgga tgctccacga caatcggaat 660
gagcccacac agcctcgcca gtcgggtcc ttcagagtgc tccagggaat ggtggacgat 720
ggctctgatg accgtccggc tggaacgcgg agtgtgagag ctccggtgac gaaagtccat 780
ggcggttcag gcggggcaca gaggatgccg ctctgtgaca aatgtgggag tggcatagtt 840
ggtgctgtgg tgaaggcgcg ggataagtac cggcaccctg agtgcttcgt gtgtgccgac 900
10 tgcaacctca acctcaagca aaagggctac ttcttcatag aaggggagct gtactgcgaa 960
accacgcaa gagccgcac aaagcccca gagggctatg acacggtcac tctgtatccc1020
aaagcttaag tctctgcagg cgtggcacgc acgcacgcac ccaccacgc gcacttacac1080
gagaagacat tcatggcttt gggcagaagg attgtgcaga ttgtcaactc caaatctaaa1140
gtcaaggctt tagaccttta tcctattgtt tattgaggaa aaggaatggg aggcaaatgc1200
15 ctgctatgtg aaaaaaacat acacttagct atgttttgca actctttttg gggctagcaa1260
taatgatatt taaagcaata attttttgta tgtcatactc cacaatttac atgtatattal320
cagccatcaa acacataaac atcaagatat ttgaaggact ctaattgtct ttccttgaca1380
agttgatttt gcaattgtgg taaatagcaa ataacaatct tgtattctaa cataatctgc1440
agttgtctgt atgtgtttta actattacag tgcattgttag ggagaaattc cctgaatttc1500
20 ttttagttttg tattcaaaaa attatgccac tcgatgcaac aaacataata aatacataaa1560
agatttaaaa aataaaaaaa aaaaaaaaaa aaa 1593

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 572 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15

```

cattcttttg gcgtgagtca tgcaggtttg cagccagccc caaagggggt gtgtgcgcga 60
gcagagcgct ataaatacgg cgctcccag tgcccacaac gcggcgctgc caggaggagc120
gcgcgggcac agggtgccgc tgaccgaggc gtgcaaagac tccagaattg gaggcattgat180
gaagactctg ctgctgtttg tggggctgct gctgacctgg gagagtgggc aggtcctggg240
ggaccagacg gtctcagaca atgagctcca ggaaatgtcc aatcagggaa gtaagtacgt300
60 caataaggaa attcaaaatg ctgtcaacgg ggtgaaacag ataaagactc tcatagaaaa360
aacaacgaa gagcgcaaga cactgctcag caacctagaa gaagccaaga agaagaaaga420
ggatgcccta aatgagacca ggggatcaga gacaaagctg gaggggctcc caggagtgtg480
caatgtgacc gtggtggggc tctggggaga gtgtaagccc ttccttaaac agacctgcat540
65 gaagttgtcg aacgggtgtt cagaaagtgg ct 572

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2520 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

10

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

20

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16

30

```

cgctcctcta cccaattttt ttttttagag atgaaaggct gcagaaatgt ttattgaata 60
cagtgccagg tttataaata aaacgtatatt acaattttcca tagagttggg ccccatcag 120
agaggtgggt aaatctccaa acagtttatc tcaagattta cagaaacgtc caagtacatc 180
tccttttcaa atagccatgg tgaagggcaa cttcagtaac aaaagaacta ccaccatctt 240
tgctacagaa gtgtttaata aacatcataa tagatttgga gaaagaacac acactccacc 300
catgccacta ctttcttact ccaagggata cagacagcaa agaattttctg tctcctacag 360
gacaacttca ggggattaaa aaaacagtaa ctgccagctg gagggataga ttaagacaca 420
ttagtggaaa tctagtcaact gccaaaggag aaatatattt aggatataca ataaataatt 480
caaatgctta aaataattga atgaacggaa gagtagactt gaccaaattt acattcgttg 540
ttcaggaaga gattcccagt atgctgaggg gttcgtggta agctattcct ctgacgagac 600
acagcagcgc tgggcctact gcacagccgt tcattacaat attgttaca gtacaatcag 660
acatgcattt ataaagagaa tataaaaata tgtacaatag ctcatittca atgtgtgtaa 720
gttgccgaaa gacaccaatg aaagtgtgca aaaattcatt tgtcaaaaaa tcagaaaaag 780
ccttccttgg caacagtgc tcaaaagccc atctgaaata tcgagatcca tttgcctcgc 840
tcaacacctt ccccaaacag atggagaaca aaactatgaa agggtttgcc aagtactcag 900
cagtttctta tggcaagtct caggctaaag caggatgcca gttcaactaa tcactttata 960
tataaatata tgtatatatt tatagagtag ttagaagtag gggcaagagt ttacaggaag 1020
gtcctaacca acttcaaggg cactgccagg acaccagct atttctctc acaaaactcat 1080
gcagactaac acccaacgcc tgggctgggc atcccccaa ataccagggc ggaaggctac 1140
agtggattct gcctcacctc tgctcaaac tggaaactcag cattccctgg agggggaggg 1200
tgtaggggtt ctggttccca gacacgatcc tggccataca agaatcctgt ttcaaaggta 1260
gtcttttagg atacgtgca ggaccactaa gaggccacc agcttctaaa gacttgaggg 1320
ttagaaggct acatttoga aaaacaagtc aaatatcccc ctccagccc ctttgaaact 1380
accgagaggt catcgaccac aggcctgaga ctgggtcagc aatcaggctc ttgaccacc 1440
ccctgccaca agaaatatcc aggacattaa ctactcaaa ccaggaaccc tatctcacc 1500
gaagagaaac ccaaggtaa ccttaggcat tcttttcaga ttcaggtaat tacaaaagcc 1560
aacccttagc tcatagtgtc aacatctctc ctaccaacca cccagcccaa ggaccagtag 1620
cagaagcaca tgggcgatgt ctcccctcca ctgctctgac ccacccctct ggcagaaaat 1680
ctaacaagct acaaaatgcc agaaagacag ggagtaggag aaggagaagc caagggtctc 1740
tataaatcag ccctgaatgc accatttggt ctgccaagag cttctcactg ctttgctagc 1800
agcctgccac tgttccctgg caaattgaaa ccaccacgc aaacactcaa aacccaatc 1860
tccttgctaa taagatacaa ccagttaaca ccgtgaaaaa tgcacatctc cagccttcat 1920
ttcaaaaaag agctctgtac taaatgcaat atgcttttaa aggggggttt acagggacca 1980

```

65

# DE 198 18 620 A 1

```

atctcaatgc aaagaccagt accagatgtc tgagttttgg ttacagggtt ataattagac2040
acaaaattca ctccacactg gagttttact ttcaagctgg aagctagcat tagtttact2100
tggggggaaa aaagcaaagt caagtcaact tgggaaaaaa aaaaaaagga ggaggaggct2160
5 aagtataatc ataaattaaa agtcgcgaat caaagggtgac tggtagtgct ttttaggcat2220
gaagagactg gcttacaaaa gtgactactg cttctaccac acacagcgaa gattgaatta2280
cagacacact aaatcatgtc tcttcagat ggtctcaagt agttacataa gacaggtaat2340
cagcagcaca attgagaaca acccctaaat acatgcttga gagaaagtgg gttttttttt2400
10 tccttaagag ctctactgcc tgaatagatc attaaaagtt accataattc accttcccccc2460
ctccccccag tgaaaatgca actagaccta catgttccat aaataggatg aagtcctgc2520

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1722 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 17

```

cattgtttgc caaaatccca ggcagcatgg acctcagctc tctctgggta cttctgcccc 60
tagtcaccat ggccctggggc cagtatggcg attatggata cccataccag cagtatcatg 120
45 actacacgga tgatgggtgg gtgaatttga accggcaagg cttcagctac cagtgtcccc 180
aggggcaggt gatagtggcc gtgaggagca tcttcagcaa gaaggaaggt tctgacagac 240
aatggaacta cgcctgcatg cccacaccac agagcctcgg ggaaccacag gagtgtcgtg 300
gggaggagat caacagggct ggcattggaat ggtaccagac gtgctccaac aatgggctgg 360
50 tggcaggatt ccagagccgc tacttcagat cagtgtgga tcgggagtg cagttttact 420
gttgctcgta cagcaagagg tgccccatt cctgtgtgct aacaacagaa tatccaggtc 480
actatggtga ggaaatggac atgatttccct acaattatga ttactatatc cgaggagcaa 540
caaccacttt ctctgcagtg gaaagggatc gccagtggaa gttcataatg tgccggatga 600
ctgaatacga ctgtgaattt gcaaatgttt agatttgcca cataccaaat ctgggtgaaa 660
55 ggaaaggggc cggggacagg aggggtgtcca catatgttaa catcagttgg atctcctata 720
gaagtctctg ctgtctctct tcttctctcc tgagctggta actgcaatgc caacttcctg 780
ggcctttctg actagtatca cacttctaat aaaatccaca attaaacat gtttctcact 840
tttcacatgt ttcatagcaa ctgctttata tgactgatga tggcttcctt gcacaccaca 900
tatacagtg ccatgcttac agccgggctt ctggagcacc agctgcagcc tggctactgc 960
60 tttttactgc agaatgaact gcaagttcag catagtggag gggagaggca gaactggagg 1020
agagggtcag tgaaggttct ctacagctaa gcctgttga atgatacgtg ggttccccac 1080
caaaagcagg ctttctgccc tgaggagacat cttccactc ccctgctcca catgagccat 1140
gcatgcttag caatccaagt gcagagctct ttgctccagg agtgaggaga ctgggagggt 1200
aaatggggaa atggaagggt ttggaggcag agctgaaac aggggttgaa ggatttcctg 1260
65 aattagaaga caaacgttag cataccaggt aaggaaaatg agtgaggagg ccaggggaaac 1320
ccgtgaggat cactctcaaa tgagattaaa aacaaggaa cagagaatgg tcagagaatg 1380

```

# DE 198 18 620 A 1

```

ggattcagat tgggaacttg tggggatgag agtgaccagg ttgaactggg aagtggaaaa1440
aggagtttga gtcactggca cctagaagcc tgcccacgat tcctaggaag gctggcagac1500
accctggaac cctggggagc tactggcaaa ctctcctgga ttgggcctga tttttttggt1560
gggaaaaggct gccctgggga tcaactttcc ttctgtgtgt ggctcaggag ttcttctgca1620
gagatggcgc tatcttttcc cctcctgtga tgtcctgctc ccaaccattt gtactcttca1680
ttacaaaaga aataaaaata ttaacgttca ctatgctgaa aa 1722

```

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

10

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1648 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

30

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18

```

tgaccaagaa acagggccta aggatcattt tctcggatgc atcacggctc atcttccggc 60
tcagttcctc cagtgggtgt cgggccaccc tgcagactgt acgcagagag ctacgagagg 120
gatcccagcg gccatgacca ggagccacag gcagtgtctga gccctctcat agccatcgca 180
ctgaaaatat cccagattca tgagagaact ggccggaggg gacccactgt catcacctga 240
atagaggaaa gatcactcac cagggccaaa gagagtgtc agcgggagat gcttccactga 300
tgcttctttg ctacctgttt gtgctcttta tgactttgga aaaacaaaag atattttgct 360
tttgggggat agaggggtgg tgggaaaaga aaaaaaatcc atttggtttt ggttttgtcc 420
tattcctcca aatgcagcag ggcctttagt tgtctgttaa agctgcacta taatttggtg 480
tctacatttt atcacacaaa ggaacctccc cttttgacaa caactgggct aggcagctgt 540
taatcacaa acatttgtgat cacttgttgc aagtgagaaa atgttctaaa atcacaaag 600
agaacagtgc cagaatgaaa ctgaccctaa gtcccagggt ccctgggca ggcagaagga 660
gacactccca gcatggagga gggtttatct ttctatccta ggtcagggtc acaatggggg 720
aaggttttat tatagaactc ccaacagccc acctcactcc tgccaccac ccgatggccc 780
tgctccccc atcccacccc caacatccct gtaccacctt ctctcacatc ttctaaagct 840
ttgtacaaat cacaatggtg caattccaac aaaatatatc aataggtgtt ttctctctt 900
attttgtaaa tagtattatt ttagctatta agctggatac ctcttttcaa attcagccat 960
tcagttgtaa agttgggaag aagtttcttg acaagactct gcaattaaat gcttaaaatt1020
tggaggggat ctttccttga ttacatcaag tatgttggtg catgggttta tacaagttcc1080
tcttgagaag gcaaaaagac caccatgtgt gagagctctt tgacttggcc aataggggcc1140
tatcttaatg cacttgtttg gacacatttc tgatcttatt tgtaaaggct gcaaaaggag1200
aggatgaaat gctgtaaaag taggaaatga agtggaagct ggaagaaaat gtaattgggt1260
gtacagctat gggccagatg gtggagggga ggggtggggac ccctgccggc aagcagagt1320
tcacagctgg ctttctcac ttgggaaaag ggtactgccg gtctagcagc ctctctgtal380
ctcagccagg acaccagcg cgtgggacct gtttgtgtct gtttgtctc cttgggaacg1440
gcacagtcac tcacctgcc atttgcggaa atgacctggt gcactttgac tgtaagcaal500
tgcgttattg ctgtagtcaa ggttagtgca agcaaggaaa cattcccagt aaggtatttg1560

```

40

45

50

55

60

65

# DE 198 18 620 A 1

tttccatttt ctgtctgtgc ttctgtcaga aactigctag gacttttagtg gccataaaaa1620.  
aagaaattcc taatttcaac cttaaaaa 1648

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1102 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19

```
tgcgcgcgcg gctgggtccc accagggaga agcagaattt gcccgcatca tgagcattgt 60
ggaccccaac cgcctggggg tagtgacatt ccaggccttc attgacttca tgtcccgcga 120
gacagccgac acagatacag cagaccaagt catggcttcc ttcaagatcc tggctgggga 180
caagaactac attaccatgg acgagctgcg ccgcgagctg ccacccgacc aggctgagta 240
ctgcatcgcg cggatggccc cctacaccgg ccccgactcc gtgccagggtg ctctggacta 300
catgtccttc tccacggcgc tgtacggcga gagtgcctc taatccaccc cgcgcggccg 360
ccctcgctct gtgcgcgcgtg ccctgccttg caoctccgcc gtgcgccatc tctgcctgg 420
gttcgggttc agctcccagc ctccacccgg gtgagctggg gccacagtgg catcgatcct 480
ccctgcccgc gaagtgcagc ttacaaaaat tattttctgc aaaaaagaaa aaaaagtta 540
gttaaaaaac aaaaaactac atattttatt atagaaaaag tattttttct ccaccagaca 600
aatggaaaaa aagaggaaa agttaactatt tgcaccgaaa tgtcttggtt tgttgcgaca 660
taggaaaata accaagcaca aagttatatt ccattccttt tactgatttt tttttcttct 720
atctgttcca tctgctgtat tcatctctcc aatctcatgt ccattttggg gtgggagtcg 780
gggtaggggg tactcttgtc aaaaggcaca ttggtgcatg tgtgtttgct agctcacttg 840
tccatgaaaa tattttatga tattaagaa aatcttttga aatggctgtt ttttaaggaa 900
gagaatttat gtggcttctc atttttaaat cccctcagag gtgtgactag tctctttatc 960
agcacacact taaaaaattt ttaatatgt ctattaaaaa taggacaaac ttggagagta1020
tggacaactt tgatattgct tggcacagat ggtattaaaa aaaccacact cctatgacaa1080
aaaaaaaaa aaaaaaactc gg 1102
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1610 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear



# DE 198 18 620 A 1

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 20

```

gcgcgctgat tggacgcgtg gggcgaggcg gaggagagcc gtgcgcacgg cgtatgtggg 60
gccgtgtgca gacccgcgtg tggcgaggcg aaggaccctc aaaataaaca gcctctacct 120
tcgcagccgt cttccccagg cctgcgtccg agtctccgcc gctgcgggcc cgctccgacg 180
cggaagatct gactgcagcc atgagcagca atgagtgtt caagtgtgga cgatctggcc 240
actgggcccc ggaatgtcct actggtggag gccgtggtcg tggaatgaga agccgtggca 300
gaggtttcca gtttgtttcc tcgtctcttc cagatatttg ttatcgctgt ggtgagtctg 360
gtcatcttgc caaggattgt gatcttcagg aggatgcctg ctataactgc ggtagagggtg 420
gccacattgc caaggactgc aaggagccca agagagagcg agagcaatgc tgctacaact 480
gtggcaaac aggccatctg gctcgtgact gcgaccatgc agatgagcag aaatgctatt 540
cttgtggaga attcggacac attcaaaaag actgcaccaa agtgaagtgc tatagggtgtg 600
gtgaaactgg tcatgtagcc atcaactgca gcaagacaag tgaagtcaac tgttaccgct 660
gtggcgagtc agggcacctt gcacgggaat gcacaattga ggctacagcc taattatattt 720
cctttgtcgc cctcctttt tctgattgat ggttgtatta ttttctctga atcctcttca 780
ctggccaaag gttggcagat agaggcaact ccagggccag tgagctttac ttgccgtgta 840
aaaggaggaa aggggtggaa aaaaaccgac tttctgcatt taactacaaa aaaagtttat 900
gtttagtttg gtagagggtg tatgtataat gctttgttaa agaaccctt ttccgtgcca 960
ctggtgaata gggattgatg aatgggaaga gttgagtcag accagtaagc ccgtcctggg1020
ttccttgaac atgttcccat gtaggaggtg aaaccaattc tggaaagtgtc tatgaacttc1080
cataaataac tttaatttta gtataatgat ggtcttggat tgtctgacct cagtagctat1140
taaataacat caagtaacat ctgtatcagg ccctacatag aacatacagt tgagtgggag1200
taaacaataa gataaacatg cgtgttaatg gctgttcgag agaaatcgga ataaaagcct1260
aaacaggaac aacttcatca cagtgttgat gttggacaca tagatggtga tggcaaagg1320
ttagaacaca ttattttcaa agactaaatc taaaaccag agtaaaccatc aatgctcaga1380
gttagcataa tttggagcta ttcaggaatt gcagagaaat gcattttcac agaaatcaag1440
atgtttatatt tgtatactat atcacttaga caactgtgtt tcatttgctg taatcagttt1500
ttaaagtca gatggaaaga gcaactgaag tcctagaaaa tagaaatgta attttaaaact1560
attccaataa agctggagga ggaaggggaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1610

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1108 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21

```

ggaggcgcgg ggagagtagg gtgctgtggt ctgagctaga gggatgaagct ggcggacagg 60
aggaatgggag tatgcagggt atagactaga gaacaagacc tctgtctccg tagcatcctg 120
ggcgcagcagt ctgaatgccca gaatggataa ccgtttttgct acagcatttg taattgcttg 180
tgtgcttagc ctcattttcca ccatctacat ggcagcctcc attggcacag acttctggta 240
tgaatatcga agtccagttc aagaaaattc cagtgatttg aataaaagca tctgggatga 300
attcattagt gatgaggcag atgaaaagac ttataatgat gcactttttc gatacaatgg 360
cacagtggga ttgtggagac ggtgtatcac cataccctaaa aacatgcatt ggtatagccc 420
accagaaaagg acagagtcac ttgatgtggt cacaataatgt gtgagtttca cactaactga 480
gcagttcatg gagaaatttg ttgatcccg aaaccacaat agcgggattg atctccttag 540
gacctatctt tggcggttgc agttcctttt acctttttgtg agtttaggtt tgatgtgctt 600
tggggctttg atcggacttt gtgcttgcac ttgccgaagc ttatatccca ccattgccac 660
gggcattctc catctccttg caggtctgtg tacactgggc tcagtaagtt gttatgttgc 720
tggaattgaa ctactccacc agaaactaga gctccctgac aatgtatccg gtgaatttgg 780
atggctcctt tgccctggct gtgtctctgc tcccttacag ttcattggct ctgctctctt 840
catctgggct gctcacacca accggaaaga gtacacctta atgaaggcat atcgtgtggc 900
atgagcaaga aactgcctgc tttaacaattg ccatttttat ttttttaaaa taatactgat 960
attttcccca cctctcaatt gttttaattt ttaaattggg ggatatacca ttttattatg 1020
gaaaatccat ttaatttata caccattcac cactaaatac ccccttaat accccctaaa 1080
atttaagggg gggttaccta aagcgatg
1108

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 675 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

# DE 198 18 620 A 1

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22

agggaaagag	agagagagggc	ctagacgaac	acaatcacat	gttttctttg	ctgttcctcc	60	
cgggatgggc	ctgttttggg	gtttgggact	ctgaaccgga	gcgggggttc	ttcgcttgac	120	5
tttgatcctg	gtccttaaat	gcctttcccc	actccccctc	cggtgggttc	ggggccaagc	180	
ggccccctct	cagagcacgg	gcagcaccgt	ctcctggacc	cctgtgtgcc	agcctctgca	240	
gacgcagctg	gtgggagggg	gcatggatgt	ggaggtggag	aagtcactcc	tggtcctcgg	300	
aggggggtgg	ctgtgtgcct	agttcagtg	gactcgggga	ttggtgaggg	cggacaggtt	360	
tctgaggcct	ccctagcctt	ctttgttaaa	tcacacgaga	tagtccaggg	ctttccagcg	420	10
cccagcttgg	atgataatcc	tcgtgtcccc	cactctaagg	cctccttgag	atttctttgg	480	
ggtctaccac	gtcctctgcc	tgtctccagg	tggtacagga	gatgtggttc	ctgtccctct	540	
cctgggtccc	tagggggccc	cagggcccct	ccctgtagct	ttagctgacc	ccatggtggt	600	
gggtgtgggg	tctgtgcgcg	tgctcaggta	agcttggggg	ctccaggtaa	gcggtcccga	660	15
agaacggggg	gggag					675	

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 350 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23

agcagagcaa	ggttggttgc	gtcctctctg	cagaacctcg	gctctcagga	ggctccttgtt	60	
ccagggaaca	gctgcttctc	tgggggctgg	ggcttctaag	ttccctggca	gccccctggc	120	50
actaaccacg	ctggaaacca	ggggaacaaa	cggcctggag	tgccaaaccc	ttcgtgtcta	180	
ttttttccag	aaaaacgggg	gcaatggctg	ttgaggagcc	catttgggaa	gaactggtgc	240	
ctctaattgg	gcaaatggat	tctgcagggg	gctgcagttg	ggcagggaag	attccttcaa	300	
acaagggggt	ccacccaaac	ccaggccccg	gcttcaaatg	gccagaaaaa		350	55

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 746 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24

```

ccccccctcc tccggctttt ttttttttat ttaagaaaat ttatttctac ttctacagca 60
gaaatacggg aatggtagag gtttgggcaa atcatacttt atgaaatgga tcctcatacc120
acatcctttt taatacaggc acgttataac ataattcctg gatattcaaa atccagccaa180
cacggatacc tctgctactc tgttttgccc ttcatactct cttcctcttt cagacgagct240
ttcttttcta agttcaagct tgttaaagtc tcgtgtcttt gggcagcctt cttgccctca300
ataaccatga agatgcatcc taccaccgtc agggcaatca ttagatagct gatcttcact360
cgcatcttgt tctttgcagc atcaagcatc tccaacgaga cagtctctgg gatttcactct420
tcctttttga agcgacctga ccatacgagg atctttttct gccaatccgt aggtttgtgt480
aaaggcactc tgtgttaagt gcgggatgga gctccgggac tttcctgtgg ttttgtgcaa540
aatccattta ttctcttcaa atcagagctt ctggtaagcc ttagagatga ggaaacatct600
ctttcacata acctaaaaca gcttcctgct gccaggcgca gaccgctgag gctcccatg660
gccacttgct actccgccga ccagcgcaga acttcgccgg ggacgggtggc gctggtgagc720
tcaatgtcac ccagcgttgg agtgagg
746

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 217 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25

```

agtgtatggc agcaaatgag ggatcataac tctcagttta ttgatgatta ttcacacctca 60
gatggaggag tttatccgtc agccacttca gtttcgtctt aaaacaggag cccacaggac120
ccaaggaact attaaggagg accaggaacc taggtttttt ctttcaaaaa attggcccta180
gcccaataaa tgaaggaaaa aattaggcac cttttttt                217

```

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

10

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 392 Basenpaare

15

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26

```

gcggatccgg cgttctccac tgatcttttc caaggctgta cagacatggc ggccggctttt 60
cggaaggcgg ctaagtcccc gcagcgggaa cacagagagc gaagcagtga ctaccgtaaa120
aaacaagaat acctcaaagc tcttcggaag aaggctcttg aaaaaaatcc agatgaattc180
tactacaaaa tgactcgggt taaactccag ggtggagtac atattattaa ggagactaag240
gaagaagtaa cccacagaaca actaaagctg atgagaactt caggacgtca aatatatagg300
aagggaagag ggtgcagaag ctaagaaaat cgaagactaa aatcagggcc catctgcggg360
ttgcagggga ggcaggaaaa ggttggtttt tt                392

```

40

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

50

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1796 Basenpaare

55

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

60

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

65

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27

```

15  cggctcgaac gtattagttg ttcttaattt ttttcccagt aaaatatgga tctttttaaga 60
    agaatttgag aagcaaacaa ttacatgtca tgtcaagggg gtagcagatt ccattcggtt 120
    tcaatattgc cacaataccc agggattaat gctgccacag gggggcaatc tttatttggtc 180
    ttacttccta ccccttccct gttctgcctc ttttaactcag ttaagttggt ctgtttggga 240
20  cctggaaaaa aacccaaaga aaacctgagt ggacagggtt atttctggaa tgcagaaaac 300
    attttaaagg ctagattttt agaattttct caactagcat tctttccatt gatttgaagg 360
    ggaaattaac tattataatc tcttgaatcc aaaactggat attaagaact ttccccctta 420
    ctaagtttaa gacttttggt atgtggtgag tcaataaaga ccattttgat tgtaaacat 480
    aaaatagttc agcaagtagc ccacagttct ggcctaacag cagacttgct gttttcactt 540
25  ggatcctcgt agttgggttg ctaaccttaa tttctatgat gttttctaaa atgaaacttg 600
    ataaagtaga ccaccagctg caccgtgttt tctgtaaaag tattgttagt aagtggccaa 660
    gagacttgag gaaaatacag attttttggt taccttggtc ttgttttaag tcttaaaaaa 720
    ttaaagataa cattataatg tagaatacag atgggacata gtcttgtaa gcttcccttg 780
    aaaatgtttt aaatatctag gaagctttta aaagacacta aattgtactc taaaagacac 840
30  taaattgtac taattgtaca aaggtcaagc caattttatg aaacagtcct acagagtaat 900
    atatgtgatg cagtgtgaag agggaaatac tcatctctaa cattatggta ataacattta 960
    gcctcttagg agtggagca gggggatggg taattacaga tttgcagact atagaaagag 1020
    ttccattttt ttgtgacccc acagagtctc aaatttttat ttcactacct gctagagcct 1080
    actgtgaaat cactgtccca tatttgccag tggaggaaat gggcatagag tagagaatag 1140
35  ctccatctct ttacacgttt gcatagacta cacacatgtc atgcgtttat ggcaggtagc 1200
    tggatcttat tccccaaagt aataatgttg aagtatgggt ctcatcattc ccatacacag 1260
    aaacacacaa cactttgatc ataaactttt ttcttcagaa gccaaactaa cttgcagaat 1320
    aatagagcca ctggtttaat gtttctctaa gatagggttt agtgaagct agtattctgt 1380
    gtgttcctag aaatgattca atacctgcag ctggtgaatt aggaattgta tttgttgcc 1440
40  ttcttataat agatgagggt caaaaatttt aatgctagtc agtatgcacc accacaggaa 1500
    agttagatcc cattagcact tgaaactaca gctttggaaa cttaggctaa gtttaatttg 1560
    atctgttact tgattcacct actgaccttt tcttttggtt gaagtgccta tcagcataat 1620
    gagctaagtg tcatgcataa ttgtgaagaa acaccctttt tggccctttt tgggacagag 1680
    aggtactcct tgatctttat gaatgacagg ttactgtttt gccttattgc ttaacttaat 1740
45  gtagtgaast aaagcagaca aagcttgaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa tcgacg 1796

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 28:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 575 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH 5

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library 10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28

```

ctgaagagca gatcagaggc aggggaaaaac cacgcagaag caggagctga agacctcaga 60
ccggcaccag ggacagctta atgaagacaa actgaagggg aaactgagat ccttagaaaa120
ccagctatac acctgtaccc agaaatactc cccttgggga atgaaaaaag tactactgga180
gatggaagac cagaaaaaca gctatgagca gaaggccaag gagtcaactgc agaaagtgc240
ggaggagaaa atgaatgcag agcagcaact acagagcaca cagcgatccc tggccctggc300
agagcagaag tgtgaagagt ggaggagcca gtatgaggct ctgaaggagg actggaggac360
ccttgggacc cagcacaggg agctggagag ccaactccac gtgcttcagt ccaaactgca420
ggggagcaga tagcagggac ttacagatga acccaggccc ttcgattttt ggaaaatgag480
cacccaggaa cttcaggcca agattgattg ccttcaaagg ggacagagac ctttgcaact540
tgggtaccca gggcctgcaa gatcaactga aaagg 575

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: 30

(A) LÄNGE: 2927 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear 35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA 40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN 45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH 50

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library 55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:29

```

gaagaaaaag aggaggaaaa aggtagggag aaataaaggg aggagagaag cacagtgaaa 60
gaaaaaaaaa gtcccttttc gacatcacat tcctgtgttt tccctcagcc tggaaaacat 120
attaatccca gtgcttttac gcccgaaaac aaagagacta agccagacta tgggggaaaag 180
ggagataaga aggatccttg aactttaaag agggaaaagag tgagattcag aaatcgccag 240
gactggactt taagggacgt cctgtgtcag caaaggagac tggcacacac agacacacga 300
gaccgaggag aaactgcaga caaatggaga tacaagacta tagaaggaca gctcctttca 360
cctcatccta cttgtccaga aggtaaaaag acacagccag aaagaaaagg catcggctca 420
gctctcagat caggacaggc tgtggatctg tggcgggtact ctgaaagctg gagctgcagc 480

```

```

acaccccttt tgtattgctc accctcggta aagagagaga gggctgggag gaaaagtagt 540
tcattctagga aactgtcctg ggaaccaaac ttctgatctc ttttgcacc ctctgcatlc 600
catctctatg agccaccatt ggattacaca atgacatgga gaatgggacc cagtcttact 660
5 atgctgtttg ccatgtggct agtgtgtgga tcagaacccc acccccatgc cactattaga 720
ggcagccaag gaggaacgaa agtgcccttg gtttctccgg acagcagtag gccagctcgg 780
tttctgaggc aactgtggag gtctcgcgga attgagagat ccactctgga ggaaccaaac 840
cttcagcctc tccagagaag gaggagtgtg cccgtgttga gactagctcg cccaacagag 900
ccgccagccc gctcggacat caatggggcc gccgtgagac ctgagcaaaag accagcagcc 960
10 aggggtctc cgcgtgagat gatcagagat gaggggtcct cagctcggtc aagaatggtg1020
cgtttccctt cggggtccag ctctcccaac atccttgcca gctttgcagg gaagaacaga1080
gtatgggtca tctcagcccc tcatgcctcg gaaggctact accgcctcat gatgagcctg1140
ctgaaggacg atgtgtactg tgagctggcg gagaggcaca tccaacagat tgtgtctctt1200
caccaggcag gtgaggaagg aggcaagggt agaaggatca ccagcagagg ccagatcctg1260
15 gagcagcccc tggaccctag cctcatccct aagctgatga gcttctgaa gctggagaag1320
ggcaagtttg gcatggtgct gctgaagaag acgtgcagg tggaggagcg ctatccatat1380
cccgtttagg tggagccat gtacgaggtc atcgaccaag gcccatccg taggatcag1440
aagatcaggc agaagggtt tgtccagaaa tgtaaggcct ctggtgtaga gggccaggtg1500
gtggcggagg ggaatgacgg tggaggggga gcagggaagg caagcctggg cagcgagaag1560
20 aagaaagagg acccaaggag agcaaaagtc ccaccaacca gagagagtcg ggtgaaggtc1620
ctgagaaaaa tggccggcac tgcaccagct ttgccccaac ctccctcaac cccagagcc1680
accacccttc ctctcgtccc agccacaaca gtgactcggc ccacgtcccg ggcggtaaa1740
gttgcgtcaa gacctatgac caccactgcc tttccacca cgcagaggcc ctggaccccc1800
tcaccctccc acaggcccc tacaaccact gaggtgatca ctgccaggag accctcagtt1860
25 tcagagaatc tttaccctcc atcccggag gatcagcaca gggagaggcc acagacaacc1920
aggaggccca gcaaggccac cagcttggag agcttcacaa atgccccctc caccaccatc1980
tcagaaccca gcacaagggc tgctggccca ggcgttttcc gggacaaccg catggacagg2040
cgggaacatg gccaccgaga ccaaatgtg gtgccaggtc ctcccaagcc agcaaaggag2100
aaacctccca aaaagaaggc ccaggacaaa attcttagta atgagtatga ggagaagtat2160
30 gacctcagcc ggcctactgc ctctcagctg gaggacgagc tgcaggtggg gaatgttccc2220
cttaaaaaag caaaggagtc taaaaagcat gaaaagcttg agaaaccaga gaaggagaag2280
aaaaaaaaga tgaagaatga gaacgcagac aagttactta agagtgaaga gcaaataag2340
aagtctgaga aaaagagcaa gcaagagaaa gagaagagca agaagaaaaa aggaggtaaa2400
acagaacagg atggctatca gaaacccacc aacaaacact tcacgcagag tcccaagaag2460
35 tcagtggccg acctgctggg gtcttttgaa ggcaaacgaa gactccttct gatcactgct2520
ccaaggctg agaacaatat gtatgtgcaa caacgtgatg aatatctgga aagtttctgc2580
aagatggcta ccaggaaaat ctctgtgatc accatcttgc gccctgtcaa caacagcacc2640
atgaaaaatc accactttca gctagataat gagaagccca tgcgagtggg ggatgatgaa2700
40 gacttggtg actacgctc catcagcgag ctgaggaaag agtacggaat gacctacaat2760
gacttcttca tgggtgctaac agatgtggat ctgagagtca agcaatacta tgaggtagca2820
ataacaatga agtctgtgtt tgatctgatc gatactttcc agtcccgaat caaagatatg2880
gagaaccaga agaggggggt tttttttgaa gggggaaaaa cgcccc 2927

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 734 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH



(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30

```

tccgtggggc tttaaaaaat gttgtgggt gtgtgggtt ttttgaggtg ggagaggatg 60
tgtgaaaatc ttttccaggg aaatgggttc gctgcagagg taaggatgtg ttcctgtatc120
gatctgcaga caccagaag gtgggtgcac actgcatgct tgggggtgcc aagggattcg180
agacctccaa catacttgtc tgaagctcgt gccgctggcc atggcccctc tgccaagcct240
gtgtgcatg cccttgggtgc tttagtgcaa gaagcctagg ctcaagaagca cagcagcgcc300
atctttccgt ttcagggggt gtgatgaagg ccaaggaaaa acatttatct ttactatctt360
acctacgtat aaagttttag ttcattgggt gtgcgaaaca ccctttttat cactttttaa420
tttgcacttt attttttttc ttccatgctt gttctctgga catttgggga tgtgagtgtt480
agagctggtg agagaggagt caggcggcct tcccaccgat ggtcctggcc tccacctgcc540
ctctcttccc tgcctgatca ccgctttcca atttgccctt cagagaactt aagtcaagga600
gagttgaaat tcacaggcca gggcacatct tttatttatt tcattatgtt ggccaacaga660
acttgattgt aaataataat aaagaaatct gttatatact tttcaaaatc caaaaaaag720
tagggagggt aagaaaaagg gcg 743

```

10

15

20

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1667 Basenpaare

30

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31

```

agagccaata gcatgggggt tacaaggcaa agatagtcac tcattcaaca catattcata 60
gagtccttc tctgtgccag acactgttct ggaagatagc tagatgaaa tctttgcact 120
cacagagctt acatgccagt gagtgaagat cgatgataaa taaagcaaat gcatcatatg 180
ttcacatttg ataagtatat gccaaaaaat gaagccggga aggaggacaa ggcccatggg 240
tgggtgttga ggttttttaa gtgtggtcag gaaaggcccc actgataagg taacatttga 300
gcaagtctga aaaaggcaag gggatctttg gggctaactt cgggatccct gcactttatg 360
taagaatgta aacctggagt ctcatttaag aatgatcagc aatacgttta gaacatatga 420
actgaatgaa atggacattt tttcttaatt tacgtataaa tccatatgat tatacataaa 480
gttctgatgc attaataaaa gcagccaaat agggccaaag agaaaaataa caggactctg 540
tactggacct aactttatca ttaattaggt aatattttcc tcatttcttt actgctgcca 600

```

55

60

65

# DE 198 18 620 A 1

```

ttttcctcac cagtattcca gagatgggtoa tagctcatta ctctaccacc aagaaactaa 660
aaggaattag aatacagcag aattggcctc agtgaagagc tttaaattgt tctcctcgt 720
gaactggact attgatcatt accacgtgac gttggctcta ttactttctg ttcccaatgt 780
ccttctagtg gtttgaaaat gttaaaacat ccctaaaatc taaatcatat aatcagaatt 840
ctatagtgtc ccaactctatc tgtaaagatc atttggaaga ctttagactc tattaatttt 900
aaaaggaata ttatttagcc atatgcagaa ttctaatga tgatattgta cagcttctaa 960
ttcacttttc agatcagtggt ttgaaatggc aattatcagt gttggattta gttccaacta 1020
cttgatttac aaaaatgtac atttagagaa ggttaaaaga aacagtgaga aatgtaaaca 1080
ttcaaaatga taattgaatc tctcagttgt gggaataatt atcagagaca tgcaactga 1140
aatgtctcac ctttcatctt ttttcttaa ttcataaagt tatctttag aatttgatga 1200
gacctctcta gtcattctca actggggcgg tgctgtcacc gaatgggtgt tgagagtgt 1260
ggggctaggg cacatttttg gttgtcacag caactgggtt ggcatttgct gccagtgcc 1320
aggaatagta acattatgaa tgccaggggac agtgtgctca gtaaagtctt ccatccaaa 1380
ggggcagggc acgggtgtc acgcctgtaa tcccagcact ttgggaggcc aaggtgggc 1440
gatcacctga tgtcagggtt tgcagaccag cctggccaac atgggtgaa cctgttgcta 1500
ctaaaaatac aaaaattggc tgggtgtggt gtcacatgcc agtaacccca gctactagg 1560
aggctgaggc aggagaatca cttgaacccg ggaggcagag gttgcagtga gctgagattg 1620
caccactaca ctccagcctg gatgacagag tgagacttca tctcaaa 1667

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 249 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 32

```

cgtggtaggc acttcatcag tgtttactga ttgaaaacat tgttgactgt ggcttctatc 60
agagtgtcta ctttttacag ctctgaccct acctcattta atttgctgct tttaatctac 120
gggggctgag aatttggtgaa accagtgttg ttagaagtgt atataatctg aatcaataag 180
ctctgaatgg gggacaagaa acgctcttat agcacaagaa tgcattggact tcatgacagc 240
tcttttgggt

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1246 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

15

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

20

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33

25

```

aatggaaggt taattaccgg ggcccacctt gagacggaaa aaaattggga aaacgaaact 60
aaaaatgggt ggggtgaatt tctacccaaa gtccagccgt ggtggctgca ctggcacaga 120
atactaaact gagtgtgact attttcaatg caacaaatga aaaaacaaaa tgtgcctgtt 180
taaagcactc agtagagggc tgatgaaact aatTTTTTTT cttttaagac atgcactott 240
gagtcctaca gtaactgagt gtttgttttag acagcacaag aaggggtgag agtgcgtctc 300
ctagccttaa tgggggaggg tagtttcagt cactcatcgg ctttcattat tgtgcagaaa 360
tattagaaaa cctcattgat caattttatg tatttgaata tcagcaaatt gaaattttcc 420
ataattatca ttaatttgtg accacatcca gtgtcatgct tactccttag agttcagatg 480
aattctttaa attaaaaaaa aactccatag tactaatttt gtttctttat atagtttgcg 540
tttgatatta gtgcttgcaa ttgtattaaa gtcaaaagct gattttttat gcatacacaa 600
gaatgccact ttttctttta ttcatacca ataatttaaa gattgatatg ctaaaaacaa 660
tttgcacagc actaaagcat gagctacttt catctaaacc tgtaaaaaata tgaaagattt 720
ttatatTTTT tcactgggaa gaaattcttc ctggatgaaa ttacaaatat gtgtagaata 780
tatttaataa aagacttata aaatacctaa ctacaggact taaaatatag attggcgcgt 840
agtatataga acaatattcc atataaataa gtttagcctt tataaaaaatg aagttgcagg 900
ctgacattac attctgtact tactaagtgt caacagccct tacaacatt aaatgtaa 960
ggtttcaaat ggtcagcggt gtttaaatgt aatcatgtta ttttattcat tgtaaatgct 1020
ttgatgaaaa ggctttatat gcagtagatc tacgaaaata ttgttcatac tgatcagaat 1080
taaattttgt tagagcagag ttttaaaatg aatgtaaata gcactaaacg ttttctttct 1140
gcaacctgta cttacagatt cttcctgtaa actaaataaa aaaaaaatga tagtgcaaaa 1200
aaaaaaaaaa aaaaaaagag acggagagag gagaaagagg gcgtgg 1246
  
```

30

35

40

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 215 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

60

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

65

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 34

```

gggaagcatt ttggatatga tgcaggaaat ctcttcctgg agtcaaaagt tcccaagagg 60
tgctgtatTT ttaagaaatg gagtttatTT aaataatagt taagcttgtg cccatgttgg120
ccgggcaact tttttcaatg gtgcttatta gaagaagtgt tttcatctgg tcaatttaag180
gaaataaaac taggaaatgg agaggggggg agaga                                215

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 734 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35

```

gctgccgggg gcctgggggt cggcgctcgg ccccggggga tgtggagagc tggcagcatg 60
tcggccgagc tgggagtcgg gtgcgcattg cgggcgggtg acgagcgcgt gcagcaggct120
gtggcgcggc ggccgcggga tctcccagcc atccagcccc ggctagtggc ggtcagcaaa180
accaaacctg cagacatggt gatcgaggcc tatggacatg ggcagcgcac ttttggcgag240
aactacgttc aggaactgct agaaaaagca tcaaatccca aaattctgtc tttgtgtcct300
gagatcaaat ggcacttcat tggccaccta cagaaacaaa atgtcaacaa attgatggct360
gtccccaatc tcttcatgct ggaaacagtg gattctgtga agttggcaga caaagtgaac420
agttcctggc agagaaaagg ttctcctgaa aggttaaagg ttatgggtcca gattaacacc480
agcggagaag agagtaaaca tggccttcca ccttcagaga ccatagccat cgtggagcac540
ataaacgcca agtgtcctaa cctggagttt gtggggctga tgaccatagg aagctttggg600
catgatctta gtcaaggacc aaatccagac ttccagctgt tattgtcgct cccggaagag660
actgtggtta aaagctgaac atccctgctg aacaggttga gctgatcatg ggcattgtcc720
tctgtaaact gcaa                                734

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 314 Basenpaare 5

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear 10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN 15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT: 20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT: 25

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36

```

gctgctgggg agccactgaa ccaaccggag acccgctggg cccacgtgaa gcagctgtcc 60
tggtgtggag gtacagagct agaccagcac tgggtccctcc agccccctgg tagcctctgc120
tgcaactgaa ctggcagctt ttgccgctgc ctttagctct gcatgtatgc gccctgaagg180
ttctgcctct ctgttttggg atgcgcttcc cctcctcatg tttggggacc tgcaagggtg240
tgaggcacgt gagggcatcg ccatgcgtat tttacaggcc tctttctctg gactgtcttc300
aaagggatga cttt                                     314

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1839 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure 45

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA 50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN 55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT: 60

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: 65

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37

```

5
10
15
20
25
30
35
40
gcgggagcagg ggggagcaac agagcggccg ggagtaaggc ggagtggagag gaggagcttg 60
atggaagcgt gcgagaagg gcgtaactga tttggaaacc agaggaaagg cgctgttttc 120
accgaattag aatcgcgga aaatagagaa gagtttgtt gaaggtctcg cgagatcgag 180
tgagtacggc tcgccaagt ggagcgctct cgcgatagac acagcaacta ttcagctgcg 240
aggggacggg agaggtggtg agcactctcg cgagatttga aggagcggcg gaggccagag 300
ggaggagagg accggaagtc cttcatctca agcatccaat gctgaaacgg gcctgatttt 360
ctctaccgga agcccttttc cagaggctgg gaacacggcc cacctagcag gaagtccac 420
ctccttgagc tcggccaccc ttccgaagt tttctgtca cctgtgttag gctccgtccc 480
ctttccgctg tttatcccc taccagaaaa ggatacattt agtgcctccc acccagctcc 540
actaaacggc cttcccgctt cctgtggttg tggccgctgt gctgtgggga gcggccccga 600
cccgggggct cattcgagcg acctcggacc acaatgccag catggacttt gcagaccttc 660
cagctctgtt tggggctacc ttgagccagg agggcctcca ggggttcctt gtggaggctc 720
acccagacaa tgccctgcag ccatttgccc caccaccccc agccccggtc aatgggtcag 780
tctttattgc gctgcttcga agattcgact gcaactttga cctcaaggtc ctaaattgcc 840
agaaggctgg atatgggtgc gctgtagtag acaatgtgaa ttccaatgaa cttctgaaca 900
tgggtgtggaa tagtgaggaa atccagcagc agatctggat cccgtctgta tttattggg 960
agagaagctc cgagtacctg cgtgcctctt ttgtctacga gaagggggct cgggtgcttc 1020
tggttccaga caataccttc cccttggtg attacctcat ccctttcaca gggattgtgg 1080
gactgctggt tttggccatg ggagcagtaa tgatagctcg ttgtatccag caccgaaac 1140
ggctccagcg gaatcgactt accaaagagc aactgaaaca gattcctaca catgactatc 1200
agaagggaga ccagtatgat gtctgtgcca ttgcctgga tgaatatgag gatggggaca 1260
agctgcggtt actcccctgt gctcatgcct accacagccg ctgcgtggac ccctggctca 1320
ctcagaccgg gaagacctgc ccattttgca agcagcctgt tcacgggggt cctggggacg 1380
aagaccaaga ggaagaaact caagggcaag aggggggtga tgaaggggag ccaagggacc 1440
accctgctc agaaaggacc ccacttttgg gttctagccc cactcttccc acctcctttg 1500
gttccttagc ccagctccc cttgttttct ctgggccttc aacagatccc cactgtccc 1560
ctccctcttc ccctgttata ctggtctaata aacccccac acatacacct ctggtgacct 1620
atttgacag accgtcgtct tccctccagt cttctgaggg ataggggaca ttccatccca 1680
agcttctccc ttaccacac ctatcctttt gaggggcttt ggggtggggc tggggcaagc 1740
agagggactg ggtcttcact tcttgggcta ataaaattgt ttctttgtgg actaaaaaaa 1800
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1839

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1931 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

# DE 198 18 620 A 1

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38

5

cagccgcccgc ccatccctct ttgtgtgctt tggaaagccg cggagctggt ggtggctaca 60  
 gttggtgttg ggggcttagg cgagggacgt taccgggaag ttgcaggcgg gaggactctt 120  
 ccccatccag tcacctgaca ggtcacaaac atgtcagaca aaagtgaatt aaaggctgag 180  
 ttggaacgta agaagcagcg actggcccaa atcagagagg aaaagaagag aaaagaagaa 240  
 gaaaggaaaa aaaaagaaac agaccagaag aaggaagctg ttgctcctgt gcaagaagaa 300  
 tcagatcttg aaaaaaaaaa gagagaagct gaagcattgc ttcaaaagcat ggggctaact 360  
 ccagaatccc ccattgtccc tctcctatg tctccatcct ccaaactctgt gagcactcca 420  
 agtgaagctg gaagccaaag ctctggagat ggcgcogtgg gatctagacg aggacctatt 480  
 aaacttgga tggctaaaat cagcgaagtc gactttcctc ctcgagaaat tgtcacgtat 540  
 acaaaaggaaa ctcagactcc agttatggct caacccaaag aagatgaaga ggaagatgat 600  
 gatgtagtgg ctccataacc acctattgaa cctgaagaag agaaaacttt aaagaaagat 660  
 gaggaatg atagtaaagc tccccctcat gagctgactg aagaagaaaa gcaacaaatc 720  
 ttgcactctg aggaattttt aagtttcttt gaccattcta caagaattgt agaaagagct 780  
 ctttctgagc agattaacat cttctttgac tatagtggga gagatttggga agacaaagaa 840  
 ggagagattc aagcaggtgc taaactgtca ttaaactgac aattttttga cgaacgttgg 900  
 tcaaaagcatc ggggtggttag ttgtttggat tggatcatctc agtatccgga gttactcgtg 960  
 gcttcctata acaacaatga agatgcccct catgagcctg atgggtgtggc ccttgtatgg1020  
 aatatgaaat acaaaaaaac taccacagag tatgtgtttc actgccagtc agctgtgatg1080  
 tctgccacat ttgcaaaatt tcatccaaat ctgtgtgttg gtggtacata ttcaggccaal140  
 attgtgcttt gggataaccg tagcaataaa agaactccag tgcaaagaac tccactgtca1200  
 gcagctgcac acacacacc tgtatattgt gtaaattgtt ttggaacaca aaatgctcac1260  
 aatctgatta gcatctctac tgatggaaaa atttgttcat ggagtctgga catgctttcc1320  
 catccacagg atagcatgga gttggttcat aaacagtcaa aagcagtagc tgtgacatct1380  
 atgtccttcc ctgttgga tgtcaacaac tttgttgttg ggagtgaaga aggttctgtg1440  
 tacacagcat gccgccatgg cagcaaagct ggaatcagtg agatgttga ggggcataca1500  
 ggaccaatca ctggcatcca ttgtcatgca gctgttggag cagtagactt ctcacatctt1560  
 tttgtcactt catcgtttga ctggacagta aagctttgga caactaagaa taacaagcct1620  
 ttgtattcat ttgaagataa tgcagactat gtttatgatg ttatgtggtc acctaccac1680  
 ccagccctgt ttgcctgtgt ggatggcatg gggagattgg atttgtggaa tctcaataat1740  
 gacacagagg taccaactgc cagcatttct gtggagggtg atcctgctct taatcgtgtg1800  
 agatggaccc attctggaag gggaggtggt tgtggcgga ttctgaagga caagttttgt1860  
 tattttgcga tgttgggagg agcagtttgt tgggtccccc aatgatggat tggcgacggt1920  
 tggcccgacc c 1931

10  
15  
20  
25  
30  
35  
40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 294 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39

```

agttaccatt gccttttctg tctcgtgccg gttttggttt gctgaaacta gtccaaaaca 60
ggaaatttaa cagacagcca cagccaaaga gtgtcatgtg aattacaaga aatagagccc120
atntagggaa agatagaact agaaaggctt ttcattataa ttccatgttg aacaattgag180
tcatagcttc ttatcttggg ggaaggacac aattcaaagg ggcagtaagg attttgtaaa240
acgtggcatc cataatttac tatggagcaa gtgccacat ctctaggaca ttaa      294

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 882 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40

```

tttttttttc tcattaacaa agcagtcfaat tccctttatt tttaaaattt tatgtacaca 60
tatgaatgat ctgtataatg tacattcaat atagaaagct ttatatattt gatagtgtat120
agaacatttc acaattacac tcatctttta cataacatct tgacatccat ttttaaattt180
ttttgcacaa gtccttttct attcaatttg gtaaagccag ttatacatat taatgtgtac240
tgtgagcttt cagaagggtt atgattgagg atgccagtga aggggtgcagg gacaaaacct300
aatagtcttg gatggtgggg ggaggatggc cacgcagact tgatgcagga gagggaaata360
ttctttcctg gggaaaagtg acttagccca atttttgttg actgtagctc aacctacag420
tcatgctagt tcaaaaaaaaa aattacaaaa actaggaaga aagttttgtc tttttgattc480
acagttttgt aaacagatat aaaggaacaa atgtgcttac atacaccaag aaaaaaaaaa540
ttctttgtga cccacttatg ttgatccaca gagtgttttc ttataatgtg atacaattag600
gatcactgac tttttttcct aaaaatatat ttatagaaaa aggaataaca ctgtcatgaa660
accaggagaa aggcagtaag agtttgcttc aacgtatcag ctggagggaat gtggacttgg720
cactggcctt tcagcggtta ttgtctctcg tgaatatctc aagtctgata gccaaaggtcg780
cctgcctcat ggtctacagg aggtggcagg tttagacatga ctgatgtaga tgtactgcgg840
taaggtagcc agcaactcca ggtcctgctt cagagagcta ca      882

```



(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 179 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

20

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41

30

```
ctttttccta gtggtatgga aagcaaatat acaatgattt taagtaggct tctggaatag 60
aaacagtggt ttgaagacc cactgccacc ttgatggact ggcccccttg agtctgaatc120
cccgggcggt gtgacctggg acccaaccgg tagctgggcc aactccagtg aattcacc 179
```

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

40

- (A) LÄNGE: 238 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

60

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42

65

# DE 198 18 620 A 1

gggaagcatt ttggatatga tgcaggaaat gtgttacggg ggtcaaaagt tcccaagagg 60  
tcctgtatatt ttaagaaatg gaatttatatt aaataatatt taaagcttgt gcccatgttg120  
ggcgggcaac ttttttcaat ggtgcttatt aggagaagtt ttttcatctt gtcattttaag180  
5 gaaataaaaag tggaaattga atatgggtgg catgttgtac ccgttttagtc tcttatgt 238

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 934 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43

ctcgcgcggg acacagggag cagcgagcac gcgtttcccg caacccgata ccatcggaca 60  
ggattttctcc gcctcagccc aacggggagg gctagtgtga catagtgtat tagatgaaag120  
40 agctattgaa gcttttaaaag aattcaatga agacgggtgca ttggcagttc ttcaacagtt180  
taaagacagt gatctctctc atgttcagaa caaaagtgcc tttttatgtg gagtcatgaa240  
gacttacagg cagagagaaa aacaaggagc caaagttagca gattctagta aaggaccaga300  
tgaggcaaaa attaaggcac tcttggaag aacagggtac acacttgatg tgaccactgg360  
45 acagaggaag tatggaggac caccctccaga ttccgtttat tcagggtcagc agccttctgt420  
tggcactgag atattttgtgg gaaagatccc aagagatcta tttgaggatg aacttgttcc480  
attattttgag aaagctggac ctatatggga tcttcgtcta atgatggatc cactcactgg540  
tctcaataga gggtatgcgt ttgtcacttt ttgtacaaaa gaagcagctc aggaggctgt600  
taaactgtat aataatcatg aaattcgttc tggaaaacat attggtgtct gcatctcagt660  
50 tgccaacaat aggttttttg tgggctctat tcctaagagt aaaaccaagg aacagattct720  
tgaagaattt agcaaagtaa cagagggtct tacagacgtc attttatacc accaaccgga780  
tgacaagaaa aaaaacagag gcttttgctt tcttgaatat gaagatcaca aaacagctgc840  
ccaggcaagg cgtagggttaa ttgagtggta aagtcaaggt ctggggggaa tgttggaact900  
gtttgaattg ggggtgttcc gcttaggaag gtgc 934

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 231 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA 5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN 10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: 15

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 44

ctcgtgccgg tcaattatga gttcctttat ttattggtga gaaagattag caagtatgac 60  
gtatgcaagg aatagaagtt atgtaccgag tgggttaaagg ttggggggat atggagatgg120  
atgagaggga gctgtctggg aaggctttgc ttcacttgga ttagagtagg gttgcgtgag180  
gaaatagggt tgtagaatga gaatgagggt catgacagcc tcctacaaaa c 231

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 669 Basenpaare

35

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 45

aggaattcgt taaatgcctg aagaagccct tcggggaatc ccaaaccctt gaacatttgg 60  
aatgagcccc cagatagcaa tatccgaatg caaagcctac tggccttcca ccagagacaa120  
cccatattatg atttgcctgt tcctgtaaga gtgcggattc ctttcctatc aactgcctga180  
tatcatcttc aggaagcaag tcccataaca tgacatatct ggattttgtg ccttagaacc240  
ttaaattgga agcatctctta attatgcatc taaattttaa agaagataat ttcaaaacag300

65

# DE 198 18 620 A 1

```

tgctttcttt cccttggttt catcattttc atatcttaaa ccaaatfacc tgggtatctg360
acaacagcat catctacctc agtcattagg atttcttaast acaaaagaga ttgtattttt420
gacttggtta ttaagattat taaaattagc ccttcctttg aaatatgaca tcagctttgc480
5  tgttctaaat ttaaaattag ttgcttcac agtaccacac ttccagtttc tataccaagc540
cagtctcctc agttttccca ttagaatgga caggttctgt tcagcgtgtc atttctgtaa600
tgcttcatgc agagagtttg gtcatagtat taaagagaaa atacagtgg gtcacaatgt660
ctccagagc 669

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 240 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 46

```

cgatcacgtt ttcacatgat gtcacgctc agggcgcttc aattatccct cccacaaaag 60
ataggtggcg cgtgtttcag ggtctctcgt ctctctccta cagaaaagaa aaagaaaaaa120
atgtcattag aagaggcgta acacgtcagt ccgtccccag gtttgtgttt cctggagtgg180
45  ccgaaagaga tcagttctaa cctgctctgc aggaataacg gtccctgctc ccgacactct240

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 228 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

5

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47

10

```

agagcagatc agagggcaggg ggaaaagcac gcagagggag gagctgaaga gctgagaccc 60
ggagccaggg acagctttaat gaagacaaac tgaaggggaa actgagatgc ttagaaagcc120
cagctataca actctaccca gaaatacttc ccttagggaa tgtaaaaagt actactggag180
atggaagagc agaaaaacag ctatgggcag aaggccaagg ggtgatag 228

```

15

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

20

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1229 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

40

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 48

```

aaaaaaaaa aaaaaagagt taatctagga gataatgaat ggcctagtag tagataatat 60
atggccccac aagctcttga cttctgtcct tggggaaagc cattttgtta accacactag 120
tgagatttac atgatgctta atggagaaca gagaagatct tgttgcaaaa ggtgtattaa 180
atatttgtgc tgtttctgta tgagattgag aagcttttcc cacctctcac ccctatttcc 240
tataaggata tccagagaag ccaaaactgtt ctgtgggttt gggaatggtc atttcccggg 300
aaaatgcac tggatcgatg actaaacctg gcccttttct ctgggctgta gtgaagccgc 360
attttcacgc tggctggcag tgtgctgaga gcctcgaatg ctctgcggcg tagtgccctt 420
ctgccctgcc tgacgatgta tcgaaaagat gagagtgaag gagactttgt gcagcaggaa 480
acgggtagggt gaggtgttgg gcagttgtgg gaacttctga gattattaca gattggtaga 540
atcggtaaga actctgattt ggacttcgct ttggtggaac tgtgtgccta tacctgcctg 600
tgtgtgtgca agtgtgcagg ttcccttctga tgtatgtgta cgtgtgggaa cctgtgtttg 660
tcataatttt cttcatttca caaaggcttt ttttgaagca gtggcagtat gcctttgttt 720
caagaacaca tgaaattctt ttaacaccag attagtgtgt taccctaaat gaacggttct 780
agccctctat taagaaataa agggaccata agcatttttg ctgcttatgg ctgtgtgtta 840
ctacttacaa gactcttgaa aattatacag aactttgcct tcttttttta atgtcttcca 900
caatgttgtg actgattata accctgtttc ccctcagaga agagctatgg ctccaggatc 960

```

50

55

60

65

# DE 198 18 620 A 1

tgtgttgact ctggcattta gtggctttgt gaaggaaaga aaccattaaa tgacctgaca1020  
aaaactgact catgtcttta aagtagttga agccactttt aggaatgtta ctctcggtty1080  
cttttgtcta attctaattg gctttaaagcc aagaaaacca tagtataaat cttttttgtg1140  
5 taccctatgg ctagtgtttt aaatgggcag ttccgttgtg gataaagtat ccagtcactt1200  
caggtttccg tggaaggttt ttattgggg 1229

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 750 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49

gtgagggaca gatggacaga atgcagaggt acatagatga gctgaggctg atccagctcc 60  
cctgaaattc agagtgttaa cttttagtagac cctgcacaat ctcttgggtgc tatctagcca120  
ttacccccat ttttttttta aaggccatct gaaattccat ttgtcatggt gggaagcatt180  
ttggatatga tgcaggaaat ctcttcctgg agtcaaaagt tccaagagg tcctgtattt240  
ttaagaaatg gaatttatlt aaataatatt taagcttgtg cccatgttgg ccgggcaact300  
45 tttttcaatg gtgcttatta gaagaagttt ttatcatctg tcattttaag aaaataaaac360  
tggaattga atatgggttg catgattgta cccttttagt tctcttattt ttctactcct420  
ctgtccctct ataactatgc catactatta gatgctggtc cactgaatgc tgagatgatc480  
tgttttttgg ggtttttttt ttttaagaaa taatttcact ggttttctgt gactctctaa540  
acacttcatc gaaactagga agactgaatt atgagggaaa ctatttggga ttagtggcca600  
50 gaaacgatga aatcttatag atcttttgac agtttctctg tttaggggga gcctaggact660  
gatatccaag tttcttccat atccaagctt cattggggga ccccatcttg gctttaacag720  
gtgaccgggc cctctttacc gggcttccag 750

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 231 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 50

```
gaggccggga gtggaacccc ctcttttgag aaggttgcc t gactcagaga cacagaaacg 60
ggtccaggga tggggagaga tgtggagtga gggaagggtt gcatttgaga aaggaagttc120
gagaacacac tgggacattg taacacattt gaaccatctt ctgatagaaa ggtgttggcc180
tcctaataat gggaggctag ggccagggtc tcgggcatag ggagagggtc c 231
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1340 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51

```
tttggcatca tttacaattt catagaatta ctgtgaaggc ctttctagtt gagatgttgg 60
ggtatttggg attctaattg ttaacccag aagaaggtaa tttagcttgt atttatttaa 120
aaccatttta gccttttact tatactctgtt agaattccag tgatcatcct aataagggtat 180
atttcagaat aatttttttt tccttcagaa taacttagaa tcagatgcta taagggtcc 240
taggagcagt gtgaaatttc cgtaaagata aatttgaatg ttgtaacca gtttatatta 300
aaccaagagg ccatttccaa tatgattttt tgtttctttt taacttgta agtcctaag 360
agattacatg ctagggcttg agtcatttct attgtagata atgatggccc acacagtcac 420
```

# DE 198 18 620 A 1

```

cttcaactat ccacataagc taggctttcc gcttttycca cggacaytgt gaccaagata 480
tttccagagt aaataaccca ccaacaacctt ggtaattcct cttctcttct taugctccag 540
gaagcgaaag cagaaggact cttttcagac tgccctctgt agcctacatt gcagctttcc 600
5 aaaaacaggca gctagcactg ggaaagccca tgtggtgacc ccatattttt ctgaggttct 660
tcttttccat ggtgttactt tattatcaga aagtaaattc agaaaacagg tcttgccctt 720
agcagacaag aaccacacca gtttcttgta aaggtaacgg atacattggg attcaggagt 780
gacacagagg tccagcccca gaacttgtaa ggattttgtt tgaacactga gcagatgcct 840
cctccctgcc acccateaca ctagttaggg ctggccatga attctatgcc agagtcactc 900
10 ctgcagtctg ctagggatgg gccttcttat cccactctcg cacacatccc agtctagtct 960
ttgccttcac agagtccctc ttgacacccc tgacttaatg atagttgctg ttttggagta1020
gaattgatca ggtttaagtc atcctgctca ggttgggcat agtggctcat gcctgtaatc1080
tcagcacttt gggaagccaa agtgggagga ttgcttgagc ccaggagttc caaaccatcc1140
tgggcaacag aggagaccc tgtctctacc aagaaaaaaa aaaaaaaaaa aaagttaaaa1200
15 aaacaattag ctggacctgg tgggtgcacac tcagtaggct gaggtgaaag gattccttta1260
acatgggaga ctgaagatgc agtgagccat gaatcagcaa ctgcacacca gtatgagaga1320
aaaagtggaa ccctatcaca                                     1340

```

## 20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

### 25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 226 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

### 30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### 35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### 40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

### 45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:52

```

50 gccagatttc cggggttttg cgggccccgc gatgttttcc agaggttttc aagtgggaag 60
aggagagcga caagggtgaaa atgccccgtg cggggcgctc cagcggagtc ctgccagctg120
tccggcggtg ggggtggacgt ctgatttatg aagggtgccca tccacctatc tgagtacctg180
acttgtgagg actgacaact acagcatcag gtacaaagtt gttctt                                     226

```

55

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

### 60 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 611 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

65 (D) TOPOLOGIE: linear



(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 53

```
gcagctgcag cggcagcagc ggcagcagag gcagcagcag tagccaccac tccgccgagg 60
ccgcaacccc ggctcggcct cccagggccc cgccgctgcc gcagtcattgg ctgctgatgg120
ggtggacgaa cgctcgccctc tgctgtcagc atcccactcc ggaaatgtca ctcccaccgc180
cccaccgtac ttgcaagaaa gcagccccag agcggagtcc cacctccata tacagccatt240
gccagtccag acgccagtgg tattccagta ataaactgcc gtgtgtgccca atcactaatc300
aatttggtatg gcaagcttca ccagcatgtg gttaagtgcg cagtttgcaa tgaagctacg360
ccaatcaaaa accccccaac aggcaagaaa tatgttagat gcccttgtaa ttgtcttctc420
atttgaagg acacatctcg gcgaatagga tgcccaagac ccaactgtag acggataatt480
aaccttggcc cagtaatgct tatttctgaa ggaacaacca gctcagcctg cattgcccaa540
tcccaaccag aagggtacaa gggtcgtgtg ttggggcacg gttggggaac acattccctt600
tggtatggga c 611
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 689 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 54

```
gccgaccgga cgcagggggc tggcgggaac gtgaagctcc gcggtgcctg atggggccgt 60
```

# DE 198 18 620 A 1

```

tgggcggccg gtagctgttg ctgttgggg acccctcat tctgcccgt jccgtccctg120
ctgcctcatg gggcccatcg gagttcacct gggctgcac ccagcctgtg tggccgteta190
taaggatggc cgggctggtg tggttgcaaa tgatgccggg gaccgagtta ctccagctgt240
5 tgttgcttac tcagaaaatg aagagattgt tggattggca gcaaaacaaa gtagaataag300
aaatatttca aatacagtaa tgaaagtaa gcagatcctg ggcagaagct ccagtgatcc360
acaagctcag aaatacatcg cggaaagtaa atgtttagtc attgaaaaaa atgggaaatt420
acgatatgaa atagatactg gagaagaaac aaaatttgtt aaccagaaag atgttgccag480
actgatattt agtaaaatga aagaaacggc acattctgta ttgggctcag atgcaaatga540
10 ttagatttatt actgtcccgt ttgattttgg agaaaagcaa aaaaatgctc ttggagaagc600
agctagagct gctggattta atgttttgcg attaattcac gaaccgtctg cagctcttct660
tgcttatgga gttggacaag actccccta 689

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 560 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 55

```

agaaaaatgga cgctgacatc aatgtcacia aagcggatgt tgaaaaggcc cgacaacaag 60
ctcaaatatg tcaccaaagt gcagaggaca gcaaagcaga ttactcatcc attctccaga120
aattcaacca tgagcagcat gaattattacc atactcacat cccaacatc ttccagaaaa180
tacaagagag cggaggaaag gaggattgtg agaatgggag agtccatgaa gacatatgca240
50 gaggttgatc ggcaggtgat cccaatcatt gggaagtgcc tggatggaat agtaaaagca300
gccgaatcaa ttgatcagaa aaatgattca cagctggtaa tagaagctta taaatcaggg360
tttgagcctc ctggagacat tgaatttgag gattacactc agccaatgaa gcgcactgtg420
tcagataaca gcctttcaaa ttccagagga gaaggcaaac cagacctcaa atttggtggc480
55 aaatccaaaag gaaagttatg gccgttcac aaaaaaata agcttatgtc ccttttaacg540
gggggcccat tcagcttcag 560

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 56:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 851 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 56

```

gaagaagagt aagaaggaca agaaggccaa agctgggtctg gagagcgggg ccgagcctgg 60
agatggggac agtgatacca ccagcaaaaag aggtagaatt ggtttctgag tagtgaaggc120
cacttgaagc tggaggagaa actaaagcct tattgagaaa acatgttata gatccttttg180
ttgctgagag agtgggaacat aggtcctaga caggggtgaag agttctggca catttttagct240
gctactttga gacctcgggtg atgttacctg gtgtgggtcat cccatcttgt cctgttttaa300
ggatatgggt ggtgaaagat gaaagaggca gagtttatcc caatgacttc tctgtttgag360
ttgggaagcc tcaccttcag acccagtaac tgtccgcagc tgtctgctag tggttgtctt420
aacatcgtag tcctagtttg catttttttaa atcccctctg tttaaaagggt ttgtaaaaca480
aaaacaaaaa actaagtctg ctcaagttaa tgctgtagaa ccctaaataa gtggtagaag540
agtgtcactg aattttgtct ctgaattcag tataactgag tttgtccat gctggtgtct600
gggttatagg cctgatgggc ctggtagttt tccatcttgt tctggcctag aggtcagtc660
tttgacttc ctcaaagctt gtgtacagtg ctacacctaaa tccatctgac tacttgttcc720
tgtgccctct tgttttaggc ctcgtttact tttaaaaaat gaaattgttc attgctggga780
gaagaatgtt gtaattttta cttattaaag tcaacttggt aagtttttaa aaaaaaaaaa840
aaaaaaaaa a                                     851

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1354 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:57

```

cttaccaaca gcctttctgc taagtctctgt tttttggata tttatgactt ggttcatctt 60
atTTTTtctc gatttagcag gagccctttt ctatttcagt ttcattttca gcatagtagc 120
ctttctatac tttttctata agacttgggc aactgatcca ggcttcacta aggcttctga 180
agaagaaaag aaagtgaata tcatcacccct tgcagaaact ggctctctgg acttcagaac 240
atTTTgtaca tcatgtctta taaggagcc attaaggcca ctccactgcc atgtatgcaa 300
ctgctgtgtg gctcgatatg atcaacactg cctgtggact ggacgggtgca taggttttgg 360
caaccatcac tattacatat tcttcttgtt tttcctttcc atggtatgtg gctggattat 420
atattgatct ttcattctatt tgtccagtca ttgtgccaca acattcaaag aagatggatt 480
atggacttac ctcaatcaga ttgtggcctg tttcccttgg gttttatata tcttgatgct 540
agcaactttc catTTctcat ggtcaacatt tttattatta aatcaactct ttcagattgc 600
ctttctgggc ctgacctccc atgagagaat cagcctgcag aagcagagca agcatatgaa 660
acagacgttg tccctcagga agacaccata caatcttggg ttcattgcaga acctggcaga 720
tttctttcag tgtggctgct ttggcttggg gaagccctgt gtggtagatt ggacatcaca 780
gtacaccatg gtctttcacc cagccaggga gaagggttctt cgctcagtat gaagaaaagc 840
aaccctaaac tctcaatctg atttgttttt gtttatgtcg atgccctgta gtttgaaagt 900
gaagtaaaaga tttagaattc acctaaagtcc aaaggaaaac acgtgggttt taaagccatt 960
aggtaaaaaa agttctcaat aaaggcatta caatttttta ggtttagaaa gatggacttt1020
tctgataaat cttggcagac atctaaaaaa aaaaccatat tttcacaag aaaatgcaag1080
ttactttttt tggaaataat actcactgat tatggataaa atggaatatt ttcagatact1140
atattggctg tttcaaaaata gtactattct ttaaacttgt aatttttgct aagttatttg1200
tctttgttgt atctataaat atgtaaaaaa tatttaaata gatgtacctg ttttgctttc1260
acacttaata aaaaattttt ttttgtaaaa ggaaaaaaa aagaagagga aaaagaagag1320
aaaggagagg ggaagaaaga ggagaaggca agga 1354

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 268 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 58

```

cgtgatctct cctcagtaaa accaagggtg atttttcttg acccacctat cttgggggtg 60
attaggagta gaggggttga aatacttaaa atttttttcc tttctgatat aattattgat120
ctccttctag aagtcctgtc gtctttgctg gagaattttt atttaagcat cctttttag180
aagaatctct aatgtccttt tttcatccag atctacactt gatgaatcct aaagctattt240
ctacacagtt cctttattca gttttccc 268

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 752 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

10

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

15

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

25

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 59

30

```

tgacaaaaga aatggaataa tttcaaaaaa gttaagtcct gagaagacaa ccctgaaatc 60
tatttttgaaa agaaaaggca ccagtgatat cagtgatgaa tctgatgaca ttgaaatttc120
ttccaagtca agagtaagaa agagagctag ttcatgtagg ttttaagaaa taaaagaaac180
caaaaaagaa cttcacaaatt ctcccaaaac aatgaacaaa acaaaccaag tgtatgcagc240
aaatgaggat cataactctc agttttattga tgattattca tcctcagatg agagttttatc300
cgtcagccac ttcagtttct ctaaacagag ccacagacca agaactataa gagacagaac360
tagtttttct tcaaaattgc ctagccataa taagaaaaat agcactttta ttccaagaaa420
accaatgaaa tgttcaaatg aggaaagttg ttaatcaaga gcagtcgtag gaatcaatgg480
ataaattttt agatggcgtt caggaagtgg cttatatattca ctcaaaccag aatgtaattg540
gatcgagcaa agctgaaaat cacatgagcc gatgggcagc acatgacgta tttgagttga600
agcagttttc acagctgaca gctaacatag ctgtttgcag ttctaagaca tataaagaaa660
aagtggatgc agatacattg ccacacacaa agaaaggcca gcaaccgagt gaaggcagca720
tttcacttcc tctttacatt tcaaattcctg ta 752

```

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 60:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

50

- (A) LÄNGE: 1389 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

55

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

60

65

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 60

```

gaactccaag ttagtggatt gcagaatgga aacttggctt ttgcggcact gggtagagttt 60
tagtttgtgt gtgtcttgct ggggggtggt gatgattgtc tcagcactca cgcactgcac 120
aagaaggcag caggatacag cactgcacaa gatggcagct cctctgcagc ttcctcctca 180
gcctccctcc ttgcaccccc acagggtttgg cttgtgggtt ttgtcatcag taacctactg 240
cctgagatca tgatctctta aaagatgaga ctctcggaag ggttgattgt atgcgtcagt 300
gagccttcta tcaccttctg gaacaaagtc acttgaaatc tcttgatgag attaaggagt 360
ttagtqttaac taagaaaatc tgctttgggc cgcagcagtg ctgggtgttc tcagacctga 420
ctgaggaagt tagctgctgg ctgccctgtg ggctgggtgt tcaggaggaa tccagagaag 480
tgttcagatg ccccccttgg gctcctttct aattttaatc agctctttaa atagctgccc 540
atctcctgtg attgcacaac caagcacttt gacatttgca ccttaggaga ggcatagttt 600
aaaaaggaa ccaaagacca cctagggcgg ggctgggtgg gagatgggag ggccaactgc 660
gagctgctcc acttctcagc tctccctgct cctgcagccc tgggccagac aaggccagaa 720
ggtttcaggg gcatttgaca tccccctctg gttctcacca ggaaaacatc caaagctttg 780
gaggaaacag gccctgcccc tggctcctta aatgccccgt ctctttgtaa actgatattc 840
agccagcaat gcctaagact ttgttaagat catttctact gcttttcttt ctgcttcaaa 900
cacacagttc qtctctgagg aaagtaaaat aaatggaata agagtaaatt gggtaaggag 960
atatccaaa gctaccagtc ccttgaccca gcacagttgg ccgaccctg tcactccctg1020
gctgtcgctg cttctctgtg ctcaactgaag ggtgagccag gccagtgtt cccagcccc1080
tgggcctggt cactacacag tggaaaacag acaagcggcc ccttcccca atcccaagag1140
tgtcttgctg cttggtgggt gctcatcgca atgttctgaa ggctccagg ccactttgtt1200
tgtaagtatg atctgggcct caaaatacca tagtagctgc ttgataaaat tctaaaaata1260
tctgggtctc tattatgtaa acactattac agtcaccagt gtgtgaagac tcttgagtct1320
ggctctcata tcagagtcac catttttctt cctgtggaat aaaatgcctt gtggacttcc1380
caaaaaaa
1389

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 61:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 726 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

# DE 198 18 620 A 1

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 61

```

cgtatctgtc cggacggaag caggaagcgg gagcggttagg gccacgcctg cggcgctgct 60
gggtgaggct gtgtgggtgg gggacgggcc gaggcgatgg cggagaagtt tgaccaccta120
gaggagcacc tggagaagtt cgtggagaac attcggcagc tcggcatcat cgtcagtgacl80
ttccagccca gcagccaggc cgggctcaac caaaagctga attttattgt taactggctta240
caggatattg acaagtgcag acagcagctt catgatatta ctgtaccggt agaagttttt300
gaatatatag atcaaggctg aaatccccag ctctacacca aagagtgcct ggagagggct360
ctagctaaaa atgagcaagt taaaggcaag atcgacacca tgaagaaatt taaaagcctg420
tgattcaag aacttttctaa agtatttccg gaagacatgg ctaagtatcg aagcatccgg480
ggggaggatc accgccttc ttaaccagct caccctccct gtgtgaagat cccctgggac540
tcgatgctg cgtgaggctg ggactgcgag tgctgacgcc accttcctgc tgaggtggga600
ctgggccctg gacacacccc tcagcccctc tgctcctcatt gtttggcctc atgggaccga660
ggggctggag gagaggcgga gtgtgccaa gggttcaaga ggtgtgttg ggtgaaatgg720
gtttgt
726

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 681 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 62

```

ggctgagaaa aatgggggga gacataacac ccacgaatga aaatacagat ttaagagaag 60
gaaccagtaa agtaggagac agatgtgaag gaaatggaaa tgaggcaaga ggacattgga120
agagagaagt ttgctgtcca ggagccaggc ctggagcatc agtgtgagg agttcaggta180
ggctgggcct gtgcctctag gtagggacaa gggaggctgg gtagccagg ctggtgctta240
aaacccctga ggccatgagc tcattggctg cctttgtagc atcctgtctt cttctgtgct300
gcctggtttg atctcatctc acctggattc aaagggtaag gtgggcatgg gtcttgggcc360
tgacaccac caaggatgac ctgtggactg ccatcgatg ctgaacagg agatgaaagg420
aggctctctt accatacccc tctgccaacc cccagtagg ccactgttct gactttgttt480
ccagaatatc cagaaatcca aaggggctgt tgctgaacag tctgcaggac cagtgcagc540
acctacctgt tgtcccaagg catacaaagg agccccaac gctcatgctt ctctaataaz600
gccctaccaa gacagacaga aaaggaagg gtagaaggaga agcttgtagc tjtggagtta660
gactctgctt cattcctgaa g
681

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 63:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1116 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 63

```

gggccacact gagcagattc tttggtagaa ttttcaactt gagactaaca caagtatttc 60
cttttctgtt cagttctcca aatgacaaga agtctttttg ctcaattgaa ggggaatgga 120
atggtgtgat gtatgcaaaa tatgcaacag gggaaaatac agtctttgta gataccaaga 180
agttgcctat aatcaagaag aaagtgagga agttggaaga tcagaacgag tatgaatccc 240
gcagcctttg gaaggatgtc actttcaact taaaaatcag agacattgat gcagcaactg 300
aagcaaagca caggcttgaa gaaagacaaa gagcagaagc ccgagaaagg aaggagaagg 360
aaattcagtg ggagacaagg ttatttcatg aagatggaga atgctgggtt tatgatgaac 420
cattactgaa acgtcttggg gctgccaagc attaggttgg aagatgcaaa gtttatacct 480
gatgatcagg gcagtaggca taattcagca acaaacaatc ttcctttggg agaaacctgt 540
tcattccaat cttctaatta cagtgggtcc tatctcaggg atactggact ttctgacgca 600
gatgaacaat taaggggaaa agcttccctt ttccctctgt ggcagttacg attttgactt 660
cagtcctgag aaaaacttca ggttttgaaa atcagatgat gtcttctcct tttccaaaca 720
ccacacgttg aaagcattta taaatccaag tctgaaactc tgcgctctag tactgctgtt 780
aagatacaca acttgtttct tagttcatat aatctcgggg acacacatac gtatacacac 840
acatacatat atataaatat acctgatgcc agattttttt cataaatatt ctgcctactg 900
taaatatggg ttccctctgag ttgttttaga aaattagcgc aatgtattaa aatcaagtgt 960
taggaaattt catggtctta cctacaataa cttttatttt ggaattgaac tattattaaa1020
ttgtatctaa tcctggaata cagtttaatt aattattcct agtgcttaag gcttcataaa1080
gtaatttttt caaccttttt tttaaaaaaa aaaaaa 1116

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 64:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 226 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear



# DE 198 18 620 A 1

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 64

```
aacagttggg aggttcttag ctcttttttag ggtcttaaca aagggttttg ttttagtttt 60
agaccgaggt ctataacttt ttctgtgaca ggcaaggtag taaataggta agggtttgca120
ggccagacca tctctgggtg gatgactgca ctctaccgtt gtaaaaggaa agcagccata180
ggccaatatg taaacaaatg agcaagggtg tgtgccggtg aaactt 226
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 65:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 806 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 65

```
tccaagggtc ctttagtcct tcctaagccc cacagtactt tcccgtagtc ctgaggcttg 60
ggacctcctg gggttcttac cttccctccc cattgctgag acagtctgag aagaggctta120
ggaatttgtc tgtgggagtt tattcatctg tctctcctat ttacctctcc caaaccagga180
ttccacttc tcaaactgc tgtgatctca caactggagg gaggaagtga gctggggggc240
```

# DE 198 18 620 A 1

```

tcatctccac tggctgcagg aacaggcctc cagggctccc agactgatat tcagactgac300
aatgatttga caaaggaaat gtatgaagga aaagagaatg tatcatttga acttcaaaga360
gacttttccc aggaaacaga cttttcagaa gcctctcttc tagagaaaca acaggaagtc420
5 cactcagcag gaaatataaa gaaggagaag agcaacacca ttgatggaac agtgaaagat480
gagacaagcc ccgtggagga gtgttttttt agtcaaagtt caaactcata tcagtgtcat540
accatcactg gagagcagcc ctctgggtgt acaggattgg ggaaatccat cagctttgat600
acaaaactcg tgaagcatga aataattaat tctgaggaaa gacctttcaa atgtgaagaa660
ttagtagagc ctttaggtg tgactctcaa cttattcaac catcaagaga acaacactga720
10 ggaaaagcct tatcagtgtt cggagtgtgg caaagctttc agcattaatg agaaattaat780
ttggcatcag agacttcaca gtggggg 806

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 66:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 241 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 66

```

ggtggaattht ttttgggccc agtatttggg gggatgatag ggttagagggt tgtaaatact 60
taaaatthttht ttcttttctg gtataattat tgatctcctt ctagaagtc ttgctgtcttt120
gctggagaat ttttatthta gcatccgttt gtagaagaat ctctaagtc cgtttttcat180
ccagatctac aattgatgaa tcctaaaggt atttctacaa agtccgtta ttcagttttc240
c 241

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 266 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 67

15

gcggatccgg cgttctgcac tgatcttttc caaggggtga cagagatggc ggcggggtttt 60  
cggaaggcgg gtaagtcccc gcagcgggaa cacagagagc gaagccagtg actaccgtaa120  
aaaacaaggt acctcaaagg tggtcggaag aaggggtgtt aaaaaaatcc agtgagttct180  
actacaaaat gactcgggtt aaactccagg gtgggggtaca aattat 226

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

25

(A) LÄNGE: 151 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 68

50

ggtgctgggg agccactgaa ccaaccggag acccggtggg cccacgtgaa gcagctgtcc 60  
tggtgtggag gtacagaggt agaccagcac tggteccctc agccccctgg tagcctgtgg120  
tgcaactgaa ctggcaggtg ttgccggtgc t 151

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 69:

60

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2042 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 69

```

gcagccgctcg ccttcggagc gaagggtacc agcccggcag aagctcggag ctctcgggggt 60
atcgaggagg caggcccgcg ggcgcacggg cgagcgggcc gggagccgga gcggcggagg 120
agccggcagc agcggcgcgg cgggctccag gcgagcggtg cgacgctcct gaaaacttgc 180
gcgcgcgctc gcgccactgc gcccgagcg atgaagatgg tcgcgccttg gacgcggttc 240
tactccaaca gctgctgctt gtgctgccat gtccgcaccg gcaccatcct gctcggcgtc 300
tggtatctga tcatcaatgc tgtggtactg ttgattttat tgagtgcctt ggctgatccg 360
gatcagtata acttttcaag ttctgaactg ggaggtgact ttgagttcat ggatgatgcc 420
aacatgtgca ttgccattgc gatttctctt ctcatgatcc tgatatgtgc tatggctact 480
tacggagcgt acaagcaacg cgcagctgga tcatccattt cttctgttac cagatctttg 540
actttgccct gaacatgttg gttgcaatca ctgtgcttat ttatccaaac tccattcagg 600
aatacatacg gcaactgcct cctaattttc cctacagaga tgatgtcatg tcagtgaatc 660
ctacctgttt ggtccttatt attcttctgt ttattagcat tatcttgact ttttaagggtt 720
acttgattag ctgtgtttgg aactgctacc gatacatcaa tggtaggaaac tcctctgatg 780
tcctggttta tgttaccagc aatgacacta cgggtgctgct acccccgat gatgatgcca 840
ctgtgaatgg tgctgccaa gaggccacgc caccttacgt gtctgcctaa gccttcaagt 900
gggcggagtg agggcagcag cttgactttg cagacatctg agcaatagtt ctgttatttc 960
acttttgcca tgagcctctc tgagcttggt tgttgctgaa atgctacttt ttaaaattta1020
gatgttagat tgaaaactgt agttttcaac atatgctttg ctagaacact gtgatagatt1080
aactgtagaa ttcttctgt acgattgggg atataacggg cttoactaac cttccctagg1140
cattgaaact tccccaaat ctgatggacc tagaagtctg cttttgtacc tgctggggccc1200
caaagtggg catttttctc tctgttccct ctcttttgaa aatgtaaaat aaaacaaaaa1260
atagacaact ttttcttcag ccattccagc atagagaaca aaaccttatg gaaacaggaa1320
tgtcaattgt gtaatcattg ttctaattag gtaaatagaa gtccttatgt atgtgttaca1380
agaatttccc ccacaacatc ctttatgact gaagttcaat gacagtttgt gtttggtggt1440
aaaggatttt ctccatggcc tgaattaaga ccattagaaa gcaccaggcc gtgggagcag1500
tgaccatctg ctgactgttc ttgtggatct tgtgtccagg gacatggggg gacatgcctc1560
gtatgtgtta gaggggtggaa tggatgtgtt tggcgctgca tgggatctgg tgcccctctt1620
ctcctggatt cacatcccca cccagggcc gcttttacta agtgttctgc cctagattgg1680
ttcaaggagg tcatccaact gactttatca agtggatttg ggatatattt gatatacttc1740
tgcctaaca catggaaaag ggttttcttt tcctgcaag ctacatccta ctgctttgaa1800
cttccaagta tgtctagtca ccttttaaaa tgtaaacatt ttcagaaaaa tgaggattgc1860
cttccttgta tgcgcttttt accttgacta cctgaattgc aagggatttt tatatattca1920
tatgttaca agtcagcaac tctcctgttg gttcattatt gaatgtgctg taaattaagt1980
cgtttgcaat taaaacaagg tttgccaca tccaaaaaaa aaaaaaaaaa aaatggtgg2040
cg
2042

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 70:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 147 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 70

```
ggaaagggga tccaggacat gaggggaccc tgtcccatgg ggtcccctgc tctgcaacac 60
acaggtagtc ccagtgcctag cattggtcta ggtaagggtc aactgtgcct ttgtgcagtg120
gtgtgatctc gggtcattgg ggctccg 147
```

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71:

35

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 143 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

55

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 71

```
ggaaagggga tccaggggat gaggggaccc tgtgccatgg ggtcccctgc tgttcaacaa 60
aaaggtagtc ccagtgcctag cattggtcta ggtaagggtc aactgtgcct ttgtgcaatt120
gtgtgatctg gggtcattgg ggc 143
```

65

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2980 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 72

```

agcagagtta gccagaaatg cctcctgctg cccagcctt agagagctcc catctcaatc 60
attgagcctg aaggcttcaa gcccaagaat gcaacaagac cccagccta catttctcag 120
ctcccctgga gccagctgat cctgtaacgc tgcctggagg cagtctgagc taccaagact 180
gtcccctagac aaagggtggag tccccacac tgcccaagac caaatccctc actcaacctg 240
ctgaggtgtg gatggggaaa cagaggcaaa actgaggcac ctgatgcatt cagcctgctg 300
tgcagcagt ccattgactg ccctgatgtt cagagagaaa cgcacacaag gtttgcccat 360
gagaattggg gagcagatgg ccaagcagat aggttatgtc tgttttctga gtgatgaagt 420
caggaagccc tgtggctctg gaggccactt gtggttcatt cttttcccat atccttggct 480
tttagaaatg gttaccttca ggacagtga gctgcattta tcagagcact attgctaagt 540
tttcttttct ggcttgtgtt tttctgggac agtttagaat tgggaggcct attctcatag 600
aacacaaaaa atgatgttca gtgattcatt taacatacac caatgtactc tggctgctgg 660
ggggacaacc ataagcaaga catgccagg gtttgccgtg gctccagatc tactccctgt 720
aggagttcaa ggatcacaca aacggtagta accagggttg tgaatctgag tacaccctgg 780
caaggcttct cttcagactg aagcagcaat tctgccacta ccagcagcaa ccaggacgtc 840
tgttctttgt gggggccaga tcagaagaga gaggccctg tgacgcccg gctgcttgg 900
cacaactctg tccaattcaa ggatgtttat cggcctctct tagatcctga gtgagacaaa 960
tacagaaatg acccattccc tgcccaccag aaactcagag gtgattgggg agactgacac 1020
aggaaaatga acttaataca gagagactgt gatatgtgct aagaagggtg tgagggagg 1080
agagatgaat tttccctgga gggatcctag aaagcattgt catattgcca tctccattag 1140
ctcactttta aacaactagg gtgctggaag aacctttgtc tgagggtagt tcatagctgg 1200
aaatacttgg aatattttcc agagtctcta aactctcatc ttccccaca gatacacatc 1260
caagctcaca aataggagta gcaattctag gtggtagggt tgtgtacgga acccctggct 1320
gtctgcatat atctcagaat taccacagga ccattgtccc aaagtctaga gtctttacag 1380
gtaggcaaaa tttgttttca atgcctgtgc ctcagctgct gtcacaaata cccatcctag 1440
gatcccatca gcttcccatc ccccaccaga cagccacagt accctcactt tctccctatt 1500
gttctttcaa atcctgttct caggaaagaa actgccacta attcattcac actaagggtg 1560
aaatgattga taataggaat gagttacctc ttcccacaga catttgtttt taagtatgac 1620
agagcagggc cttaattcca agggaaaagg ttatggaact ggaggggggtg agctttctgg 1680
gtagaaggag acttcttgaa tttccttaaa acccagtaag agtaagacct gttgttttgg 1740
aaggctctgt ccaccatcta agagcactgt tttttttttt gttgttgttg ttgttacggt 1800
ctctgaggga atatagtaaa aatgcatatg cacgtgcaat ttgcacggca gcatttcacc 1860

```

# DE 198 18 620 A 1

```

gattgtggac tgtattggct aatgtgtttc ctggctctta gatgcaaac attaatatac1920
ctatcttata tcatagtttt ttcaggggtg cttcttgatt agtaggggat tttgaacacc1980
tcttttaaata cagctagaaa ataaaaccaa tttgtaaagc cacatttgca tatgatgcc2040
gcttcacgca tttgtatata tccagaaatt caggtatgcc tcaccaattt gcccgctctt2100
aataaaatct tgtgttaaaa tttgcatcac gtgccttcc tatgtatgac gaaacaagaa2160
acagagattt ccaattgtct tttgtcttc agacatttag taatataaag tacctatttt2220
tatgctgaaa tgtttatata ggtttattaa tagcaagtgc aactaactgg cggcatgcct2280
tgcaacacat tttgatata tagccatgct tccgggtaaa ggcaagcccc aaactcctta2340
tcttttgtag tctctctggg atcagtaaaa gaaaaaaaaa ataatgtgct taagaagtgg2400
gactgtaaat atgtatattt aactttgtat agcccatgta cctaccttgt atagaaaaat2460
aattttaaaa atttgaatgg aagggggtaa aggaggtcat gaagttttt tgcattttta2520
tttaaatgaa ggaattccaa ataactcacc tacagatttt tagcacaaaa atagccattg2580
taaagtgtta aaatttacga taagtattct attggggagg aaaggttaact ctgatctcag2640
ttacagtttt tttttccttt ttaatttcat tattttgggt ttttggtttt tgcagtccta2700
tttatctgca gtggtattaa gtcctattgc tagaatagg tactacaaaa aaggttatat2760
tctgaaagaa aaataactga cattatata aaccaattaa tttaaagtat tgccatttaa2820
attacacact gagagcatgt cctatgcaga catagatttt tctgttcatt tatttttctt2880
cattgcagt gattgatttg ataaatagat gtgttgaaat actacatttg ctgtacatat2940
tatttaataa actttattca gaattgcgtg gcaaaaaaaaa 2980

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 73:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 227 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 73

```

cagcattgct ccacggcaca gcataaggat agatcccaag tccacagggt ccatttttga 60
ggatcatattc tgatcctagg aaatgtcctt ttcccatagt tgcctatgc ctttgggggt120
tagtctatcc caggggtaac tgtggagaaa tcattgggtt gagagtcaag agagcattgg180
ttttggagct ttaatccctt tctggttgaa ataagggtgt caacttg 227

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 246 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure

- (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:74

```
ctcgtgccgg tttgggtttg gtgaaactag tccaaaacag ggagtttaac agacagccac 60
agccaaagag tgtcatgtga gttacaggaa gtagagccca tttagggaaa ggtagaacta120
gagagggttt tcaggatagt tccatgttga gcagttgagt catagcttct gatcttggag180
gaaggacaca cttcaaaggg gcagtaagga ttttgtaaaa cgtggcatcc ataatttact240
atggggg                                     246
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 75:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 773 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 75

```
cggaagtgtg aagggttcctg cctctcctcg gccaggcgga acctctctgc tgggcccggg 60
ggccgcaaaa gaactttctt tctcccgccc gaacggctgc cgcggccaac tgcctcgccc120
gcctggcagc ctaaccctcc ttctcttctt ctctctcctg gcttcgcgcg gccctgctct180
```



# DE 198 18 620 A 1

cctctcgccc	ggcgccatcc	gcttgetgct	gccaccgct	cctcatcttc	tgcccgcca	210
accggcctgc	cccgcctgcag	tgatgtgcga	caaggagttc	atgtgggccc	tgaaaaacgg	300
agacttgat	gaggtgaaag	actatgtggc	caaggagaa	gatgtcaacc	ggactactaga	360
aggtggaag	aaacctcttc	attatgcagc	agattgtggg	cagcttgaaa	tcctggaatt	420
tctgctgctg	aaaggagcag	atattaatgc	tccagataaa	catcatatta	ctcctcttct	480
gtctgctgtc	tatgagggtc	atgtttcctg	tgtgaaattg	cttctgtcaa	aggggtgcta	540
taagactgtg	aaaggccag	atggactgac	cgcctttgaa	gccactgaca	accaggcaat	600
caaagctctt	ctccagtgat	ggatggatgg	actgataact	ccggaagaat	gactctcctg	660
tggcctcaca	ctgctgcctg	tctgtctgtc	actctctatc	tgccagcttc	ttcagctaaa	720
tactttaaga	ggggtgagg	gagagagaaa	ttcataacaa	atccgactac	cag	773

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 293 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 76

gcaacggcca	gctgggtcag	ccattcttct	gttagcagat	ctttgacttt	gccctgaaca	60
atgttggttg	caatcactgl	gcttatttat	ccaaacttca	ttcaggaata	catacggcaa	120
actgctccta	attttcccta	cagagatgat	gtcatgtcag	tgaatctacc	tgtttgggcc	180
ttattatctc	tctgtttatt	agcatthaatc	ttgactttta	aggggttaatt	gatagctgtg	240
tttgactatc	taaccgtaca	atcaatggta	gggactcctc	tgatgtccgg	ggt	293

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 77:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 870 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:77

```

gacccggcgt ggctactagg agaaggacgt acggctcctgc tagtagagga atatgtcgag 60
tttctctagg gcgccccagc aatgggccac ttttgctaga atatgggata tcttagatgg120
gaaaatgcag ccacctggca aacttgctgc tatggcatct ataagacttc agggattaca180
taaacctgtg taccatgcac tgagtgcactg tggggatcat gttgttataa tgaacacaag240
acacattgca ttttctggaa acaaatggga acaaaaagta tactcttcgc atactggcta300
cccagggtgga tttagacaag taacagctgc tcagcttcac ctgagggatc cagtggcaat360
tgtaaaacta gctatattatg gcatgctgcc aaaaaacctt cacagaagaa caatgatgga420
aagggtgcat ctttttccag atgagtatat tccagaagat attcttaaga atttagtaga480
ggagcttcct caaccacgaa aaatacctaa acgtctagat gagtacacac aagaagaaat540
agacgccttc ccaagattgt ggactccacc tgaagattat cggctataag agaataagaa600
ttgcagaaaa taacagttaa gtgattgaaa ctttcttctg atgagtttct ctaacctaca660
ggatggagta aaacaactgc tacagttcag cacctgtttt atgtgccgaa tcactgtggg720
gaaagggtcag gaagggtgtag tccttcaata ggaaattgta attaaaatat aattttatag780
aaccattttt atgtaatctg atttgaatgt tatagttgat aataataaaa tcacttactt840
ggttgactaa aaaaaaaaaa aaagtcgacg                                     870

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 237 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 78

# DE 198 18 620 A 1

ttgtgatcgg ctatccttcc cggatcaaca gcgagcccag cccggtcatc tacaaccggc 60  
ccgggaacaa cgtgaaactg aactgcatgg ctatggggat ttccaaagct gacatcacgt120  
gggagttaac ggataagtcg catctgaagg caggggttca ggctcgtctg tatggaaaca180  
gatttcttca accccaggga tcaatgacct attcagcatg ccacaaagag gggtggc 237

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 79:

10

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 439 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

20

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

30

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 79

gtttgggaag ttgagatttg gagcgaataa gtagggatct ggcaagagga tcatctacct 60  
cagtcatttag gatttcttaa taaaaaagag attgtatatt tgagttgggt attaaagatta120  
ttaaaatttag cccttccttt gaaatatgac atcagctttg ctgttctaaa tttaaaatta180  
gttgcttcac cagtagcaca cttccagttt ctataccaag ccagtcttct cagttttccc240  
cttaggatgg gacaagtctg ttcaggggtt cattctgtaa gggtcagcag ggggtttggg300  
agaggattta aggggaaata cagtgggggc agaattgggt cgggggtaaa ggtaggggac360  
aagggaagga gggcgaagg aggggtggaa ggatgggggc cttacctaga tcgggggatg420  
ccgggggggc aaggcaagg 439

40

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 80:

50

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2483 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

55

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

60

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

65

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 80

```

gcaaaagtct tcaaaactatt gagaaagagc catagactga gtgcaggcac cagtgcgctc 60
15 ttattactgt gtcaattaaa tgaatgtatt tgaatgtttg gatacttacc tctgaatgta 120
ttttgagtaa taacttcaag tgcaaattat gccatgcata atttctttgg tctcatgttt 180
ttcccccttt ttcttttagg ctttgtcttc tgagtctata gaaaaacttc cagtttttaa 240
caagtcagcc ttcaaacatt atcagatgag ctctgaggct gatgactggt gtatcccaag 300
cagggaacca aagaacctgg caaaagaagt ggccatgtga agagggacac tcaggacact 360
20 ttacgggatc aaagtgggtc tacaccagtg ctgcttcctg aatgtttgtg tgtgaaccct 420
tgtttctctc aaaacaaacg acagcaacga aaactcctta atcagaacac tgatccaatg 480
aggaatggag cttgtttctg tgaccaggga gaacttagtg caagactaca ggagttaaca 540
gaigggcagc tctttatttt ttaatgtaga ataactcctg agtttatatc aaatcctgaa 600
gaaataagcc tcagttttcc atctgttttt gataagaata agaaagggag tgagtgtgaa 660
25 gatgggtggtt agcagtttca ctaagactga tatttttaggc ctctgttca catcaaaaga 720
lattggtgtc agaataaccag cattttcctg ccatgcaaag gattaaaact tagtttacac 780
tatgtgggtt caaatatatg tcaatgtaca ttttgaacat atttatgtgc tatggaagga 840
aatgctggtg actaaaataa gggttactct gaaagaggag gaattttatt caaagcattc 900
aaacatttta ttcaagtgtt tcaaaattca aagcattgta ttcaaagttg cagtgaaggc 960
30 atcaacttat gtaaaaacac agaaggaagg ctccctctgat aaaaacacag ctccctttatt 1020
atgctgcttt tctgttcac ttacacact aagtaaacac ttattgtcag gtgcctagtc 1080
ttgaagtgaat tgttagatgt gcactgaact cgggatgttg gggattggag agagagaatt 1140
gccaaagtaa cagcaaaaat atctcttact ttgctttgtt tataaataaa ttagtagatt 1200
ggaaaaacta gtgttagyga aagaaatcac atgttcagag cctaattcag taggaagggc 1260
35 ttttctctac cctgaaatga aggtaatcca aaggcatcca ttttctaggc ttaaaagata 1320
tatttttgat atatttaatt atattctcta cactccagca ttaatatgtc tgtttaaaaa 1380
ttactaattc tcaaatggct caagaacatt agaatttaag taccttttag agtaattatt 1440
ttaaqcaaat aqcttgagc taagagattc tcatgccagc atgctttcat ttgtcagttg 1500
ttgtgactga gagataatga atgacacctg aaatgcata ggtatttttg ggagagttaa 1560
40 ggtataattt gaagggttggc agaccagttg ggctgattac tcttagagaa gaagaaatgg 1620
aaaaatgaaa qaaggcagga aggaaagaaa ggatatagga agagagggaa gcagaaggca 1680
ggcatttttc tattttcccc acaattattt tcaaaaaaaa tctgtatttt ctgggatatt 1740
tcattggcaa gaggaagaac tgggtgtttg aaagcagtat ggattcctta aatgcctctc 1800
actctacaa qatagtaggc tttagataaa taaacttacc cgtgtcaatt aacatttaaa 1860
45 ctggcatata gaaaaaaagg aggatttttc tgcattgtaa aataatcagt atggtttata 1920
tgttgaattt qacatttgtg tgtaatttca tgggtgccta gtgttgtggt gcttctggta 1980
atggtaatag aagctcaact atttttttgt ggatttcagt ttttatcatc agaagtccta 2040
gacagtgaca tttcttaatt gtgggagtc agctcatgca tttctgatta tacaaaacag 2100
50 tttgcagtag gttatttgtc atttcagttt tttactgaaa tttgagctaa acatttttac 2160
atgtaaatat ttgtatttac caaagattta aatcagttga ttaattaatt aactcaaata 2220
ctgtgaacta tctttaaaac actagaaaaa agaaatgtta gtatctcaat tacaccaact 2280
gtgcaaatga actttgataa aatagaaata atctacattg gcctttgtga aatctgggga 2340
agagctttag gattctagta gatggatact gaatactcag gccacttaa tttattaatg 2400
55 tatacattgt gttttgtct ttatgctatg tacagagaaa tgtgataatt ttttataata 2460
aatatttttt atgatgataa aag 2483

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 202 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

# DE 198 18 620 A 1

- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

15

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 81

```

aaaaaagtgg gagcagttga ttagttgatg tgtttgaacc tattgagaag gactttctat 60
tctgctacgg acttttagga tgaatttgca ctagacaggt aaaaaactaa ccaggggatt120
aaaaaatagt gtttaacttc tggggaaaca aggtgaataa ggaaggaaat gcagggcatgg180
aagttatagg gcactacatg ac                                     202

```

25

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

35

- (A) LÄNGE: 353 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

55

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 82

60

```

ggtggtgggg..gggggggtgt tgggccaaaa gacttcggta tctgacaaca gcatcatcta 60
cctcagtcac tagggtttct taataaaaaa gaggttgat ttttgacttg gttattaagg120
ttattaaaat tagcccttcc tttgaaatat gacatcagct ttgctgttct aaatttaaaa180

```

65

# DE 198 18 620 A 1

ttagttgctt catcagtacc acacttccag tttctatacc aagccagtct cctcagtttt240  
cccattagaa tggacatgtg ctgttcagcg tgtcatgr.ct gtaatgcttc atgc:agagag300  
tttggtcata gtattaaaga gaaaatacac tgaggtcaca atgtctccag agc 353

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1039 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 83

```
cggggataac caaacacagc tgtttacggt ttctccctta acccatgctt tcataaacc 60
cttcggacag cttccccgctc caggttttct aaccacacct accccagggg tgccgcattc 120
ctgcactcag aagtctgcag cgggtccctca aaaaacttga ttgtgccata aaaatcactg 180
gggatcttgt taatacacgt tctaactcaa tagatctggg agatcctgca tttctaaca 240
gctcccaggt aaggcggagg ctgctggtgt gaggaccatg ctgtgagcag cagggcgaga 300
gtgcccaggg ctgatatata ttggaaatat cacccttgaa gccatcctg gccccacct 360
cctgtggact gatgccccag ggattccac cccactctg caaccacagg tatccttcat 420
tatccacccc atcccagact cccacccag ggattgccc tgaagacttt ggcctagcaa 480
attgtgttgg ttatgtgagt gttgttttaa tcagagatgt acatgattgc caatctgcat 540
ttcttaccag tgtgaccaca ctgttacgat gcaattctag ccaaaaaaaaa actttttcct 600
agtcttatgg aaagcaaata tacaatgatt ttcagtaggc ttctggaata gaaacagtgg 660
tttgaagacc cactgcccac ctttatggac tggcccttt gagtctgaat ccccgccctc 720
tgtcacctga gacccaacc ctagctgggc caactccagt gaattcacc atttttcttc 780
ttcagaaggc ctttctgtg tgagaccac atattttaac cttttgctcc tatcccat 840
ttaaagaatt agagaataaa ccaggcctgt ttctttccc ctgaaatccc tgcctctggc 900
ttcctaaacc catcatctaa ggtgacagag cagtgtggg aataggcatc ttctttcaa 960
ctttcccaa actggccaca gataggctgg ccatgggaag ggtctttgga tttcggggga 1020
ggcaaacgtg ggggattgt 1039
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 84:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 270 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 84

```

gaacagttgg aagcttctta tctcttttta gggctttaac aaagaatttt gttttatttt 60
tagaccgagg tctataactt gttctgtgac aggcaagata gtaaatagat aagactttgc120
agggcagacc atctctgctg tgatgactcc actctacctt tgtaaaagaa aagcagccat180
agacaatatg taaacaaatg agcaaggctg tgtgccgata aaactattaa agggcactga240
aattttcagt tcatataatg ttttcagga
270

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 330 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 85

```

agtgtattca gcaaagtagg gtcagaactt tcagtttatt gatggttatt cagccgcaga 60
tgagagttta tgcgtcagcc acttcaattt ctgtaaacag aggacaggc caaggactgt120
aaggggcaga actagttttt cttcaaaatt gcctaggcat aataaggaaa atagcacttt180
tatttcaagg aaaccgatgg aatgttcaaa tgagggaagt gttaatcaag ggcagtcgga240
tggatcaatg ggtaaatttt aggtggcgctc aaggaggggc ttatattcac tcaaaccgg300
atgttatttg gtcgggcca ggttgaag
330

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86.

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 235 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 86

```

atTTaagTat_tttttagttt tTaaaatgtc tttccggtga gggaaggagc cccagccaga 60
aagcaattca atcatggtca agtttccaac tgagtcacat tgtgagtggg taatcaggaa120
aaatgaggat ccaaaagaca aaaatcaaag acagatgggg tctgtgactg gatctttatc180
atccattcta aatccgattg aatattgcgg gcttacaaaa tgccaagggg gtgac 235

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 87:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 189 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 87



# DE 198 18 620 A 1

gggaggcttt gtgttgggga gtttgggtat ttgggattct aattgttaac cccagaagaa 60  
 ggtaatttag cttgtattta attaaaaacc cttaggccgt tacttatatc tggtagaatt120  
 ccagtgatca gcctaataag gtatatctca gaataatttt ttttccttc agaataactt180  
 agaatcaga 189

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

10

- (A) LÄNGE: 866 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

20

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

30

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 88

35

caggaccagc ctggccaaca tggcaaaacc ctgtctctac taaaaagtaa aaaaaattag 60  
 ccgggcatgg tggcttgtgc ttgtagtccc acttcagtct aagtagctgg gactacaggc120  
 acgtgccaca agcccagcta atgtgggtgt tttgttagag atgaggtagg gccatattgc180  
 ccaggctcgt cttgaacacc ggggctcaag gaatctgccc atcttcgcct cccaaagttc240  
 tgagatagca ggtgtgagtc atcatgccca gcctccttga agtttactaa caattgggat300  
 aactgaggga agagaagtga caattccact cattctatct tattgatttg gaggctgtct420  
 ccacacaata actctaactt gacttctaac cattctatct tattgatttg gaggctgtct420  
 tctgccagat tttttgtggc ttgagatgat attttcgaac ccttctttca ctacctttct480  
 tacccttaat gtgccaagct tgaaacagga tttgatttcc tgagctactt gttcgccttc540  
 tgtgcgtcac caagtaatct ggttcattct tcgtctcatt catgttattt tcaagtgaag600  
 caagacattt tgggggtcaa gtctctttgg gtgttttgtt tttatgtata taaaaatgga660  
 ttttgtgttc cttttccatg taagtaccaa cttatatgga aactcacaat cataatgtaa720  
 agaagaaatg aaagcctggt gtattgtact tcaagatgcc tccttgatgt atagaatctc780  
 cttgtaaaat aaataattgc attgtatctc agtcttccca tcaatattaa ttattaaata840  
 ttttagaatt tttaaatacc aactat 866

40

45

50

55

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 89:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

60

- (A) LÄNGE: 224 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel

65

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 89

```
agcagttgga agcttcttat gtcttgggag ggtcttaaca aaggattttg tgtgatgttt 60
agacccaggt ctataacttg ttctgtgaca ggcaaggtag taaatagata agactttgca120
ggccagacca tctctgctgt gatgactccg ctctagcttg gtaaaagaaa agcagccata180
gacaatatgt aaacaaatga gcaaggctgt gtgccgataa cact 224
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 846 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 90

```
ctccttgtcc aacggaaaaa acatggaagg gtttaagccta aacaaccctc aaacggaact 60
ttatgccaga aaacaactac ggaataaaaa cccacaaaaa tacagagagg aacgttttta120
accttttaggg cctgcgtcct ctgccttttg cccatcaggg tcaaagagta ggagtggagga180
aggaagggat gggacagcat cccctgggac gttcaagtac catccctggt ctccactctc240
cagccttaga gagtggacca gccagagcac ctcgctctgga ctctcagacc tgctgctttg300
```

# DE 198 18 620 A 1

```
tctctaccaa ccttggcagg gatctaggat ccatitctgt qqatcaggt ccagtcaata360
ccattggggc tcaaataagt tcttagaacc acagagtcta gggccagggt cccaactcat420
agggtgacgga gttccctttc aagctcgtgc cgaattcggc acgagcgggc acgagcttga480
agggaaactcc gtcagctatg agttgggacc ctggccctag actctgtggt tctaagaact540
tatttgagcc ccaatggtat tgactgggac ctgatccac taaatggatc ctagatccct600
gccaagggtg gtagagacaa agcagcagggt ctgagagtcc agacgagggt ctctggctgg660
tccactctct aaggctggag aaggggagacc aggatggtag ttgaacgtcc cagggatgct720
gtcccatccc ttcttctctc actcctactc ttgaccctg atggccaaag ccagagacgc780
agggccataa ggtaaaaacg tcctctctgt attctctggc ttttactccc tagtgtctct840
gcataa
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 223 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 91

```
ctcaaaggaa aagttaacaa agaaaaagga tgcgtagaca acaattccat ttaggtgatg 60
ttaattgaag tacctgcagt gatacataac agataaatgg gtgccagggg ccaggacag120
gggaggggat ggggtgtggc agaaaggggt aacacaaagg agtcttgtga taatggaatt180
gttctggatc ttggttgtgg tggtagtat gcaaggctac atg 223
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1374 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92

```

cgaaagcgtc ggactaccgt tggtttccgc aacttcctgg attatcctcg ccaaggactt 60
tgcaatatat ttttcgcctt tttctggaag gatttcgctg cttcccgaag gtcttggacg 120
agcgctctag ctctgtggga aggttttggg ctctctggct cggattttgc aatttctccc 180
tgaggactgc cgtggagccg catccactgt ggattataat tgcaacatga cgctggaaga 240
gctcgtggcg tgcgacaacg cggcgcagaa gatgcagacg gtgaccgccg cgggtggagga 300
gcttttgggtg gccgctcagc gccaggatcg cctcacagtg ggggtgtacg agtcggccaa 360
gttgatgaat gtggaccag acagcgtggt cctctgcctc ttggccattg acgaggagga 420
ggaggatgag atcgccctgc aaatccactt cagctcatc cagtccttct gctgtgacaa 480
cgacatcaac atcgtgctggg tgtcgggcat gcagcgctg gcgcagctcc tgggagagcc 540
ggccgagacc cagggcacca ccgaggcccg agacctgcat tgtctcctgg tcacgaaccc 600
tcacacggac gcctggaaga gccacggctt ggtggaggtg gccagctact gcgaagaaag 660
ccggggcaac aaccagtggg tcccctacat ctctcttcag gaacgctgag gcccttccca 720
gcagcagaat ctgttgagtt gctgccacaa acaaaaaata caataaatat ttgaaccccc 780
tcccccccag cacaaccccc ccāaaacaa ccaaccacg aggaccatcg ggggcagagt 840
cgttggagac tgaagaggaa gaggaggagg agaaggggag tgagcggccg caccagggc 900
agagatccag gagctggcgg ccgccgatca gatggagaag gggggaccca ggccagcagg 960
agacaggacc cccgaagctg aggccttggg atggagcaga agccggagtg gcggggcacg1020
ctgcccgcctt ccccatcacg gagggtcag actgtccact cgggggtgga gtgagactga1080
ctgcaagccc caccctcctt gagactggag ctggcgtctg catacagag acttggttgall140
acttggttg tcttgtctg caccctcgac aagaccacac tttgggactt gggagctggg1200
gctgaagttg ctctgtaccc atgaactccc agtttgcgaa ttatagagac aatctat1260
gttacttgca cttgttatc gaaccactga gacgagatg ggaagcatag atatctatat1320
ttttatttct actatgaggg ccttgtaata aatttctaaa gcctctgaaa aaaa 1374

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 761 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 93

5

```

gcctgatggg ctggagccag actgtggtct gaggaggaga cacagcctta taagctgagg 60
gagtggagag gcccggggcc aggaaagcag agacagacaa agcgttagga gaagaagaga120
ggcaggggaag acaagccagg cacgatggcc accttccac cagcaaccag cgccccccag180
cagccccccag gcccgaggga caggagactcc agcctggatg aatctgacct ctatagcctg240
gccccattcct acctcggagg tggaggccgg aaaggctcga ccaagagaga agctgctgcc300
aacaccaacc gccccagccc tggcgggcac gagaggaaac tggtgaccaa gctgcagaat360
tcagagagga agaagcgagg ggcacggcgc tgagacagag ctggagatga ggccagacca420
tggacactac acccagcaat agagacggga ctgaggagga aggaggacc aggacaggat480
ccaggccggc ttgccacacc cccacccctt aggacttatt cccgctgact gagtctctga540
ggggctacca ggaaagcgcc tccaacccta gcaaaagtgc aagatgggga gtgagaggct600
gggaatggag ggcagagcca ggaagatccc ccagaaaaga aagctacaga agaaactggg660
gctcctccag ggtggcagca acaataaata gacacgcacg gcagcacaaa aaaaaaaaaa720
aaaaaaaaatcc ttgttaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa a
761

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

25

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1825 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

45

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 94

```

agggaaagcta gtagcggacc ggaagtggag caccctcggg ctcgagacag cggcgacgtt 60
taaagctgag cgaccagtg ccactggaga cggtcagctt ctccactcag gctcctccag 120
cccgagccag aagacccctt cccccagaat tctggggggc gatggaaggg agccgagtca 180
gatcgcgagg taccagagc cgacagaccg gagcgacagg gagttgccag aagccccgcc 240
cctaggagtg atcggaaagc ctcacccatc cgggtgagga acccgaggga ccgcctccgg 300
gcgagcgcc gaccatggct acgcccttg tggcgggtcc cgcagctcta cgcttcgccg 360
ccgcggttag ctggcaggtt gtgcgcggac gctgcgtgga acattttccg cgagtactgg 420
agtttctgag atctctgcgc gctgttgccc ctggttgggt tcgctaccgg caccacgaac 480
gcctttgtat gggcctaaag gccaaagtgg tggtaggact gatcctgcag ggccggcctt 540
gggcccaggt cctgaaagcc ctgaatcacc actttccaga atctggacct atagtgcggg 600
atcccaggc tacaaagcag gatctgagga agattttgga ggcacaggaa actttttacc 660
agcaggtgaa gcagctgtca gaggctcctg tggatttggc ctgaagctg caggaacttg 720

```

# DE 198 18 620 A 1

```

aacaagagta tggggaaccc tttctggctg ccatggaaaa gctgcttttt gagtacttgt 780
gtcagctgga gaaagcactg cctacaccgc aggcacagca gcttcaggat gtgctgagtt 840
ggatgcagcc tggagtctct atcacctctt ctcttgcttg gagacaatat ggtgtggaca 900
5 tgggggtggct gcttccagag tgctctgtta ctgactcagt gaacctggct gagcccatgg 960
aacagaatcc tcctcagcaa caaagactag caactccaaa tcccctgcca aaagccaagc1020
ctggcacaca tcttctcag ggaccatctt caaggacgca cccagaacct ctagctggcc1080
gacacttcaa tctggccctt ctaggccgac gaagagttca gtcccaatgg gcctccacta1140
ggggaggcca taaggagcgc cccacagtca tgctgtttcc ctttaggaat ctcggtcac1200
10 caaccaggt catatctaag cctgagagca aggaagaaca tgcgatatac acagcagacc1260
tagccatggg cacaagagca gcctccactg ggaagtctaa gagtccatgc cagaccctgg1320
ggggaagggc tctgaaggag aaccagttg acttgccctg cacagagcaa aaggagaatt1380
gcttgatttg ctacatggac cccctgagac tatcattatt acctcctagg gccaggaagc1440
cagtgtgtcc tccgtctctg tgcagctccg tcattaccat aggggacttg gtttttagact1500
15 ctgatgagga agaaaatggc cagggggaag gaaaggaatc tctggaaaac tatcagaaga1560
caaagtttga caccttgata cccactctct gtgaatacct acccccttct ggccacggtg1620
ccatacctgt ttcttctctg gactgtagag acagttctag acctttgtga tagaactaaa1680
atgctctctg tactctagtc tcctgcctcc tcagctctgc aagtagttta gtaggaatga1740
agtggaagtc caggcttgga ttgcctaact acactgctaa aaatatttgt aatccttaat1800
20 aattaaactt tggatttggt aaaaa
1825

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

- 25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1374 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 30 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 35 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 45 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 95

```

ccgggattcg ccctccgggg agcgattggt cctcgggagg ggcggggagg tggacgcggg 60
55 taccggcggt cgtcgggtcg gcagcctttg gtcagttggc agcggcaagc gcgctgcggt 120
tccggtggcg ccatgtcggt ctgcagcttc ttcgggggag aggttttcca gaatcacttt 180
gaacctggcg tttacgtgtg tgccaagtgt ggctatgagc tgttctccag ccgctcgaag 240
tatgcacact cgtctccatg gccggcggtc accgagacca ttcacgcoga cagcgtggcc 300
aagcgtccgg agcacaatag atctgaagcc ttgaagggtg cctgtggcaa gtgtggcaat 360
60 gggttgggccc acgagttcct gaacgacggc cccaagccgg ggcagtcccg attctgaata 420
ttcagcagct cgtgaagtt tgtccctaaa ggcaaagaaa cttctgcctc ccagggtcac 480
taggcgggca gccacacccc accccagacg gccaccacac tgaggccaca cgttggccat 540
tccaccttgg agttgggaacc ctgggcgtcg agacaggaag gcagggcgca gtggttgaaa 600
catcaggaca ctcccaaggc cccggctctg aacaagacct ttctgtttct tggaaaagag 660
65 actcatttgc tgatggttca tgccttctgc tgggacaggc ctgggctgtg cagccacact 720
gtcggctgac ttagccccct gtcactcta ggtgcctcca ggaggtgagc cctgggtgca 780

```

# DE 198 18 620 A 1

gctgggtctct	gaatgacgtt	acacccctcac	cttcttttct	tggccctgct	tctggactct	840
cccctgtgag	gccccattcc	aagacagact	ctcgtcctca	ccgaagctta	ggccccacatc	900
tcccaggctg	cttaggagac	agaatggaaa	cggaggccgc	ccctgccagc	cgccctggcc	960
ctggtcactg	catgatccgc	tctggtcaaa	cccttccagg	ccagccagag	tggggatggt	1020
ctgtgacctg	ctgggaaggc	aggctgatgg	ggcacacct	tggcctctcg	tccacgaggg	1080
gagaaacct	aacctgtttt	cacaatctgt	gcggaagtag	cttgccctcac	ttctgcttag	1140
gaaagcggt	gttgctccat	aactctaacc	agcacagggc	tgaggcctgc	agtgcacacc	1200
tgcagggagg	cccttcccaa	ggtgtggtga	ctgtgcctta	ctgtacatgc	tcggaggcct	1260
ggccatatag	gaggggtggg	gatgctgaaa	tcacccccca	tcttaagtaa	ttacttttctg	1320
gagtaatcag	gtggaaatcc	atagacaaat	gaaacattca	gatgtaaaaa	aaaa	1374

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 96:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1234 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 96

cttgggaagc	tcctggatct	ttgtcaacct	gactgtgcga	ttctgtatct	tgggaaaaga	60
gtccttttat	gacacattcc	atactgtggc	tgacatgatg	tatttctgcc	agatgctggc	120
agttgtggaa	actatcaatg	cagcaattgg	agtcactacg	tcaccggtgc	tgcccttctct	180
gatccagctt	cttgggaagaa	attttatattt	gtttatcatc	tttggcacca	tgggaagaaat	240
gcagaacaaa	gctgtgggtt	tctttgtggt	ttatttgtgg	agtgcattg	aaatttttcag	300
gtactctttc	tacatgctga	cgtgcattga	catggattgg	aagggtctca	catggcttcg	360
ttacactctg	tggattccct	tatatccact	gggatgtttg	gcggaagctg	tctcagtgat	420
tcagtccatt	ccaatattca	atgagaccgg	acgattcagt	ttcacattgc	catatccagt	480
gaaaatcaaa	gtagattttt	ccttttttct	tcagatttat	cttataatga	tatttttagg	540
tttatacata	aattttcgtc	acctttataa	acagcgcaga	cggcgctatg	gacaaaaaaa	600
gaaaaagatc	cactaaaaag	aaagatttag	atggcttctt	gccagtttga	gcctaattctg	660
attcttacag	ttttaccttc	ttgaaccaat	gtaaaagttt	ttttaatggt	aaatgattaa	720
attctcagtg	aggctatctt	ccttttcccc	agtaacattc	ctgaattttac	tgttatctta	780
ttgtagtact	tgcatgacat	ggatttcctga	tatctgatga	gaggttcatt	cttgtgtatt	840
cagttaatga	caccaaagg	ctcagcccac	cccaacccta	tctcatgttc	agtctgtcta	900
atacatgcc	gagatttttt	tttcaaaaag	tgctttatcc	ctacaatgta	ctgacagttc	960
ttacagttga	gatttgttct	tttcagctat	tgcttgtgaa	aaaaagcaag	actatgtcac	1020
tctatagaag	gctgttaaag	tgactcaggc	aggaattaat	tattctgtac	ctaaggggtt	1080
acttgtttaa	tgggatggca	ttgacttttt	gaaaatcaag	tggactgagt	cattgataaa	1140
acatttctaa	gagtggggct	agagaacata	ctttacatct	gacatccttt	ggcctaacaal	1200
catctattat	tatagtgtc	agcagtgtgg	gcattgaaga	ggcgcagaat	gctttgaaag	1260
aaactaatca	gaatcttgga	acatcatgat	catgccattc	ttaagtaaat	caactattttt	1320

# DE 198 18 620 A 1

```

caacactgaa gaaaaatgaa acattattta gazaacaat.j agattacaag ttccaaactc1380
agccaggaat gtggctcaca cctgtaatcc cagcactttg ggacacctag gtgggagcat1440
cgcttgaagc caggagttca agaccagctt gggcaacgta gtggagaccc ctatctctac1500
5 aaaaaataaa aaaattagct ggggtgtgatg gcacacacct gtttgtccca gctactcaag1560
aagctgagat gggaggatcc tgagctcagg aggtcaaggc tgcagtgagc cgagattgtg1620
ccactgcact gcagcctggg gtgacagtgc aagaccctgt ctcaaaccac accaaaccac1680
acacacacaa acacacatac acacacacac acacgaggtc caaatggtag cagggatcca1740
aagggaacac agtatgtagg tcaaaactggc agtaacagtg tacagccttt gacaaactag1800
10 aaatattaga gtaggccaaa cacacctcca aactgtaagg ctgtgcacaa acataaaaaa1860
tggcagcctt ccattctcctg cactggctga gtccatttac ttgtgtactt gttctagtga1920
gtggtggggac tgtacatttt tgaatagacc tcaaaaatac ttcatctgct tgctgttcag1980
ttggcctttt aaacctgtct gcagtaggac actgaaaaca gcaagaactt cgggggtgaac2040
accgcgtgat cctttaacaa ggatttctgg caggaaactc acaaaaagga gaactgaaa2100
15 ttttagacata cagttggcca ttgtaaaaaa catcagtttc ctctcatata ttccaagtaa2160
accaagtaaa ataagtgttg gagtaacact tgcataaaag aatttaagga gtgatagctc2220
tttctgttct gccattccca acattcctgg gggaaaggag actcaatgag ttaatactat2280
ttcactgagc ccaagatgga aacttggttt gacctaaaac atctgattaa tataggctag2340
ctgatttctt aaaaattcgt tgcattgaag gatattttgc atgtctgtaa cacctgtcaa2400
20 tacttggttg tattgatctt tgatattcct gcagctgact acgtgtaatt gggcagatca2460
gctttgcagt agattatgct gcacccctct ggcaaaaattc tgtattctta gtgattgtta2520
caaaccctt tattgctgtc tgagaaagt aaagattgtg tatttctatt aaaacattta2580
caatcaaaaa aaaaagaaag aatagaagaa aaagg
2615

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 508 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 97

```

gttggcagaa acccggtatc cggttccggg gggcctccat cagcaagctc cagtgcctacg 60
tgtccctggc attttaggtg tcggttgggt aggcagtcac ggatcaggta atgcagtttg120
60 ttgagccaag tcggcagttt gtaaaggact ccattcggct ggttaaaaga tgcactaaac180
ctgatagaaa agaattccag aagattgcca tggcaacagc aataggattt gctataatgg240
gattcatggc cttctttgtg aaattgatcc atattcctat taataacatc attgttggtg300
gctgaataca ttttggaaag gagtttttca tcttagagat tggggaacaa gtgtgagggt360
gtgagaaact cacagaatac aaatttgcct gtatgttttg tgggtttttt tttttccttt420
65 caagatgttt tctatttcta aattaaagta atttcaaagt aaaaaaaaaa aaaaagtcga480
cgcggccgcg aatttagtag tagtaggc
508

```



## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3588 Basenpaare 5

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear 10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN 15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT: 20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT: 25

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 98 30

```

ctccgtctca aaaaaaaaaa aaaaaaaaaaag aaaagggaag ggaatcccat tttgtgatga 60
tttgggcaca ctacttgagc tgaggctagc agtcacatga ttttggctgt ctctgacctg 120
aagcttttga agtaaggtta tgtctcttcc ctgaagcttt gttttagtg gtaatttggg 180
gagtttgagc tttgagcttg tcttagaaaa taagactgtc cacctgggga ggggagctta 240
tagggaaacc gtgttaactc agaatgctga agaaagtgtc ttagccaac aaaagtaaga 300
ttactatcta gaaggtggaa agaagtcatt gcttctgttc ctccagcagt cagttgactc 360
tacgtttcct ttggtttata tccccagttc ttaataactaa aacttatttg acttctatc 420
aggaagcaca caaaaaaagc gtcattttaa accctggata taggctttta aggatacaaa 480
aacagcagca ttgtcgtttt gccaggttca tcaccatttt gatgtgctac ccattccttc 540
accctccctt tcttgcccc ttcttgctata gaataattat ctactaaatt gcttattatc 600
actgtttcag agaacattaa catctcaaca gtgcagttaa atagctctcc tagacttgag 720
tgtagactacc ttgcagagaa catctcaaca gtgcagttaa atagctctcc tagacttgag 720
cttccagcca ggcattttaga tcaactttaa gcctttgttg aattctgagg aaaaaaagca 780
agatgcctca atgccaatgc tgggccataa gattctactc ccctccctgt aggggtggggc 840
gcgtgqctca gctttgaaa atcattttgc cagtaaatatt gcctgtgaat ccctttaaga 900
agtcgtcctg atctgagcct gtctttctga gcactttggt gctgaattga aaatggtaag 960
ctaaagcagt gacagatcca cgtagcctct ttaacctctt tattatcttg caaaaaaaaa1020
agtttctcag gttaaacctt tgtctttaac ctccctttgt tgtggagaaa atgtgtcact1080
aatcagtggt ccaagggata tctagctttg gttactcagt tctgcagca taacagatat1140
gacttatgcc aggggaaggtg gaggtgatt atggagacac ccaggaacag gaataagaag1200
ggataggtct gctccacgta gaacctcccc agatcggaag ttaagtcttg gagagtttcc1260
aaagtgtga agtaaaaagg agacttgagg ggcctttgct taatgagcaa gaggttgtg1320
tcttcccaag aacatgaggg agttcagaag ggagctatag ctacagaca gaaacctgcc1380
cgctaccccc atccctcgtg actgggagca tgtttgtcga gaattttcta agaggactct1440
cccttcaaaa atccaatttg ctcccagaat gttgttttagc ctctgagaat ctactcttt1500
catttccatc tgtgaatgga catagatgtg ttgctcaggg atcagaaaca tcagagtcca1560
gggcccagtg gcatgggtgt gcattagtag ttagaaaagt aattggtcag ctctactgtal620
aaagaaataa gtatgtagta cagttttgta aatgtcagggt ctgttctgtt gttttgtgat1680
ctgaagactg tcaaaactgg tgaataatcaa agaaaagggt ggtggttaga ataagtaaaa1740
tttcagttag aaagatatag cttaccagtt ttccatgtgc ttaaggaagt caagaatatt1800
tcaggttgtt gagaactgtt gtaaaatgga attgaagcta gtgtctctca ccttcttagg1860
tgtatcagag agaggaagtg gaaggccagt agtagcatct tcatacttac ttttgcagc1920

```

```

ccagcctcca tttcaaagac tttgtcttcc atcctatcca atgacatggt cagggatggg1980
ctctgaggag gcagtgaggc cccaccttgg tttgtctcca. tgtgtgtgt agtctccaaa2040
cagcttaagg gtttttaagt tttctcacga ttacctccac tccactcatc tactatcagc2100
5 atcagaaaagg ttaacatccc tgggaccatt ctacttataa aagagatgaa ctagtgtgct2160
ttctcccctt ttccaggtgt gccatccata tacaatctcc tcttggccaa gttcaacaaa2220
tgtttccagg gaaccccgtg ggttgaggca aagtagccaa gatgtattga gtttaagttt2280
tctagaggac aaaagtatct cttgtccctt tccctcatg ctcatatgtt ttagctgagg2340
cgtaaatggc caagttgagt aatatctgtg gaactgagac agagagccag ggacccatgt2400
10 acccagggac cagtcccctg gggaaatcac cagtggctca gactagactg ctctatccca2460
ccagaactct gctgctgttc atttccatca ggaccacca ggaaagcaaa taagttagcc2520
ttctcatcat taggtcacct aatctcttgg gttgcaggat gagagcatat atagatctcc2580
tgtttagaga gtgtgttcat aattgtagaa agggatagaa aatggaataa ccaagaggct2640
gtgtcatctt ttaagaggat ggcaaggatg acctcaaatg agctcaacaa aactgggaat2700
15 ccaaggaatg gtgctttagt ggaaagagag gtcagttgtg gtccttaaac ctcttggcac2760
cttggtcggg ttataaaaaca aggagctgga gtaaaattgc cttaccccc aatccaaatg2820
ctgtccagga ttaggagct acccaacctg tgggtatatg gtgttggtt ccattttttg2880
tttgtttgct tgtttccaaa atagccttgc ttggtactgc atggaaagt caagcttttc2940
ttcttgcccg ctccagggctg gcctcttccc cgtgtcttca cagcgtccct aaggaagatt3000
20 tttgcagcac tctctggagc tgaggggagt gaaatttggc ccagagaagg cggaaggaaa3060
tagttttcct gtttcctttt ctgaggttg atgtcctcag gcttccttca cactccttc3120
tcatgggtgc ggctggcagt acagtcaggc tgtggaggag ggctgagaag aaaggggcac3180
tggtccagcc ccaggttttg tctgagacag gtacacagca gataccatcc cacttcctc3240
tctaaagaac aggcagcca cacatataac ctttcccta ctttactaat gtatccctta3300
25 tgtggtacca gcaatggagg acaggcagac ttaccccctg ccacttagag agaatgttgt3360
tattaccctg aaaacttgac caccctcata tccactcct ttttgtaaaa acaaatgctt3420
aaacctgtga gcctgccgtt cctttctatg tgtaaatcag tttccttcca tttgagctgt3480
gtgggaggga agggcattga aattgtagg tghtaatctt tgccaacca taaaaaccag3540
tatttcacac acaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaa 3588
30

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99:

- 35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1218 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 40 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA
- 45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 50 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:
- 55 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 60 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 99

```

tggtggcggt taaataacaa atctgctaaa gttaggcaac aggcagctga cttgatttct 60
cgaactgctg ttgtcatgaa gacttgtcaa gaggaataat tgatgggaca cttgggtgtt 120
65 gtattgtatg agtatttggg tgaagagtac cctgaagtat tgggcagcat tcttggagca 180
ctgaaggcca ttgtaaatgt cataggtatg cataagatga ctccaccaat taaagatctg 240

```

# DE 198 18 620 A 1

```

ctgcctagac tcaccccat cttaaagaac agacatgaaa aagbacaaga gaattgtatt 300
gatcttgttg gtcgtatttg tgacagggga gctgatatg tatctgcaag agagtggatg 360
aggatttgct ttgagctttt agagctctta aaagcccaca aaaaggctat tcgtagagcc 420
acagtcaaca catttggtta tattgcaaa ggcattggcc ctcatgatgt attggctaca 480
cttctgaaca acctcaaagt tcaagaaagg cagaacagag ttgtaccac tgtagcaata 540
gctattgttg cagaaacatg ttcacccctt acagtactcc ctgccttaat gaatgaatac 600
agagttcctg aactgaatgt tcaaaatgga gtgttaaaat cgctttcctt cttgtttgaa 660
tatattggtg aaatgggaaa agactacatt tatgccgtaa caccgttact tgaagatgct 720
ttaatggata gagaccttgt acacagacag acggcctagt cagtgggtaca gcacatgtca 780
cttgggggtt atggatttgg ttgtgaagat tcgctgaatc acttggtgaa ctatgtatgg 840
cccaatgtgt ttgagacatc tcctcatgta attcaggcag ttatgggagc cctagagggc 900
ctgagagtgt ctattggacc atgtagaatg ttgcaatatt gtttacaggg tctgtttcac 960
ccagcccgga aagtcagaga tgtatatttg aaaatttaca actccatcta cattgggttcc1020
caggacgctc tcatagcaca ttacccaaga atctacaacg atgataagaa ccacctaata1080
atccggttaa tgaaccttgg cctatagctt agtaatttta agtggtttat tttgggtggt1140
aatgccact gcttcacacc ttaaacttgc tttgagttgg tgggtgtacc tttaaacatg1200
cagatcagtg gtgactgg
1218

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 100:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1303 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 100

```

gtgctcaaga agtgccttga gttgggtgtac agtgccatgg ccagcaagaa tcccagattt 60
cagggttttat tacaaaaatg aagtgggtcac ttggcgattt ttagtagtat gcatgagtta 120
ccttttttct ctatgtctga gaactgtcag attaaaacaa gatggcaaag agatcgtag 180
agtgcacaac aaaatcacta tcccattaga cacatcatca aaagcttatt tttattcttg 240
cactggaaga atcgttaagtc aactgtttct tgaccatggc agtgttcttg ctccaaatgg 300
tagtgattcc aaataatggg tctgttaaca ctttggcaga aaatgccagc tcagatattt 360
tgagatacta aggattatct ttggacatgt actgcagctt cttgtctctg ttttggatta 420
ctggaatacc catgggccct ctcaagagtg ctggacttct aggacattaa gatgattgtc 480
agtacattaa acttttcaat cccattatgc aatcttgttt gtaaagttaa acttctaaaa 540
atatggttaa taacattcaa cctgtttatt acaacttaaa aggaacttca gtgaatttgt 600
ttttattttt taacaagatt tgtgaactga atatcatgaa ccatgttttg ataccctttt 660
ttcacgttgt gccaacggaa taggggtgtt gatatttctt catatgttaa ggagatgctt 720
caaaatgtca attgctttta acttaaatc cctctcaaga gaccaaggta catttacctc 780
attgtgtata taatgtttta ttttgtcag agcattctcc aggtttgcag ttttatttct 840
ataaagtatg ggtattatgt tgctcagtta ctcaaatggt actgtattgt ttatatttgt 900

```

# DE 198 18 620 A 1

```

accccaata acatcgtctg tactttctgt tttctgtatt qcatcttctgc eggattcttt 960
aggctttatc agtgtaatct ctgcctttta agatatgtac agaaaatgtc catataaattt1320
tccattgaag tcgaatgata ctgagaagcc tgtaaagagg agaaaaaaac ataagctgtg1080
5 tttcccccata agttttttta aattgtatat tgtattttgta gtaatatctc aaaagaatgt1140
aaataggaaa tagaagagtg atgcttatgt taagtcctaa cactacagta gaagaatgga1200
agcagtgcaa ataaattaca tttttcccaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaagt1260
atcgttggga atgaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaa 1303

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2333 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101

```

tgaaaaatgc ggacagtata ttcagaaagg ctattccaag ctcaagatat ataattgtga 60
actagaaaaat gtagcagaat ttgagggcct gacagacttc tcagatacgt tcaagttgtga 120
ccgaggcaag tcggatgaaa atgaagatcc ttctgtgggt ggagagttaa agggctcctt 180
45 tcggatctac cctctgccgg atgaccccag cgtgccagcc cctcccagac agtttcggga 240
attacctgac agcgtcccac aggaatgcac ggtaggatt tacattgttc gaggcttaga 300
gctccagccc caggacaaca atggcctgtg tgaccttac ataaaaataa cactgggcaa 360
aaaagtcatt gaagaccgag atcactacat tcccaacact ctcaaccag tctttggcag 420
gatgtacgaa ctgagctgct acttacctca agaaaaagac ctgaaaattt ctgtctatga 480
50 ttatgacacc tttaaccggg atgaaaaagt aggagaaaca attattgatc tggaaaaccg 540
attccttttc cgctttgggt cccactgcgg cataccagag gactactgtg tttctggagt 600
caatacctgg cgagatcaac tgagaccaac acagctgctt caaaatgtcg ccagattcaa 660
aggcttccca caaccatcc tttccgaaga tgggagtaga atcagatatg gaggacgaga 720
ctacagcttg gatgaatttg aagccaacaa aatcctgcac cagcacctcg gggcccctga 780
55 agagcggctt gctcttcaca tctcaggac tcaggggctg gtccctgagc acgtggaaac 840
aaggactttg cacagcacct tccagcccaa catttccag ggaaaacttc agatgtgggt 900
ggatgttttc cccaagagtt tggggccacc aggcctcct ttcaacatca cccccgga 960
agccaagaaa tactacctgc gtgtgatcat ctggaacacc aaggacgtta tcttgacga1020
gaaaagcatc acaggagagg aatgagtgta catctacgtc aaaggctgga ttcctggcaa1080
60 tgaagaaaac aaacagaaaa cagatgtcca ttacagatct ttggatgggt aagggaattt1140
taactggcga tttgttttcc cgtttgacta ccttccagcc gaacaactct gtatcgttgc1200
gaaaaaagag cattttctgga gtattgacca aacggaattt cgaatccac ccaggctgat1260
cattcagata tgggacaatg acaagtttct tctggatgac tacttgggtt tcctagaact1320
65 tgacttgcgt cacacgatca ttcctgcaaa atcaccagag aaatgcaggt tggacatgat1380
tccggacctc aaagccatga acccccttaa agccaagaca gcctccctct ttgagcagaa1440

```

# DE 198 18 620 A 1

gtccatgaaa	ggatggtggc	catgctacgc	agagaaagat	ggcgcccgcg	taatggctgg	1500	
gaaagtggag	atgacattgg	aaatcctcaa	cgaagaggag	gcagacgaga	gyccagccgg	1560	
gaagggggcg	gacgaaccca	acatgaaccc	caagctggac	ttaccaaata	gaccagaaac	1620	
ctccttcctc	tggttcacca	acccatgcaa	gaccatgaag	ttcatcgtgt	ggcgccgctt	1680	5
taagtgggtc	atcatcggtc	tgctgttcct	gcttatectg	ctgctcttcg	tggccgtgct	1740	
cctctactct	ttgccgaact	atctgtcaat	gaagattgta	aagccaaatg	tgtacaaaag	1800	
gcaaaggcct	catttcaaga	gtcatccagc	aatgagagaa	tcctgcctct	gtagaccaac	1860	
atccagtggt	atcttggtgc	tgagaccaca	ccccagtagc	aggttacgcc	atgtcaccga	1920	
gccccattga	ttcccagagg	gtcttagtcc	tggaaaagtc	ggccaacaag	caacgtttgc	1980	10
atcatgttat	ctcttaagta	ttaaaagtgt	tattttctaa	agttttaaata	atgtttttca	2040	
aaatattttt	caaggtggct	ggttccattt	aaaaatcatc	tttttatatg	tgtcttcggt	2100	
tctagacttc	agcttttggg	aattgctaaa	tagaattcaa	aaatctctgc	atcctgaggt	2160	
gatatacttc	atatttgtta	tcaactgaaa	gagctgtgca	ttataaaata	agttagaata	2220	
gttagaacia	ttcttattta	tgcccacaa	cattgctata	ttttgtatgg	atgtcataaa	2280	15
agtctattta	acctctgtta	tgaactaaa	taaaaatggt	tcacctttaa	aac	2333	

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1377 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102

cattactggt	atatgagaaa	catttttagta	atttaataaaa	aggataatgt	ttattttaaaa	60	
aacctgactt	ttccagagta	atcttggttt	gcacattcat	gtttattgaa	gtggactaat	120	
ttctataaat	caaatacagag	ttaaatatta	aaaattgtgt	aaatacaatt	gacataggaa	180	
ttacattaaa	atattaggaa	gaaacaagga	caaattttaga	ccttgaatcc	gaagagataa	240	
agcttacttg	actttcaaat	ggagagatga	tgaaaaccca	ctcattcagt	ctttcagaac	300	
aaaaagacag	tcactctgata	agagtatgac	atggatgaaa	tgccctacag	gggccttggg	360	55
catctttaat	ttctgcgatt	atgtgaaaga	ggtggacttt	acagataatg	gagcagaagc	420	
caacattagt	aaaaggaatc	ccaacttctt	cccatagaat	tagaaacatg	tgaaagtaca	480	
ataaacttct	tgttcaaat	accagcatca	gagagcttcc	catttgcata	tagaccttga	540	
atttatattt	attgatcaag	ttctaatttg	tatgtatatt	ttgtgcatat	tcaccaataa	600	
cagttaaaat	taattatgtg	ttatagttaa	tatatgcacc	taccttcttc	cgttagtgcg	660	60
tcagtaaatg	tggtattttg	tcatttttcc	aaagagagtg	ttgtagggtt	tcctctgagt	720	
tcttccctta	tagcttttct	tctgataacc	atgacttcag	gagctttaa	actatctatc	780	
ttgcatttgt	gtctggcgga	gaactagcca	tcagcctcct	gaagcctgcc	atcattgtta	840	
atctgaggac	tgggctgtct	tggggctcag	aaggtaaaag	actatttgag	cagatgtgtg	900	
tgggtggcac	tggattccac	ccaactgcca	agttagtatt	gttagagatt	tcattttaca	960	65

# DE 198 18 620 A 1

acacaaaaat aagcctgtgt caaagatttt aaaatcatgg aaagttaaiaa tctagaaga1020  
ccttagagaa ccagccaacc aactctctca tttttaaagt gaaggattca tagcacagat1080  
tacttgcta agatcatcca ggaacgaaga caagaatcca aatgtacttg gggacaaga1140  
5 ttagtcccca aattcagtg tcttcctagt attaaacatt gcccttttcg acaaattttg1200  
gatttcaatc ttggtatatt tcagtaaacc tgctgattta ttaggttact gggtagatga1260  
cattagaatg tagatagcgt gcacgctatg atagactctg ctaagacatg ttcccagtg1320  
ccagcagcaa ttagatatg tgtgacagt gtcattgtaga agttataaag cagagta 1377

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 315 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103

ataaggaatg agaagaaagg ctgtgtctta tcagtaggtg agatggaact ggtcctggta 60  
gtgttgagc aggacaggca cttagtcttg atgctgtggt cctttgtgat agtagagcac120  
cggggttaac caccactcct ttaggttact ttagtgaca acagaagtaa aatatttca180  
ttatttaatt tagaatgta tgttttactg gaacctgcaa tatgcatgta cagaattaat240  
45 aatttttact cttttggtca agttatacta aggcaaagcc agtggattca aaagtgagac300  
attgacaggc cattt 315

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2355 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 104

atgatcatgc	cactgcactc	catcctgggt	gacagcaaga	tcttgtaaaa	aaaaaaaaa	60	15
aaaaaaccag	gagtgaaaaa	ggaaagtaga	aggcagctgc	tggcctagat	gttggtttgg	120	
gaatattagg	tgatcctggt	gagattctgg	atccagagca	atctctttag	cttttgactt	180	
tgccaaagtg	tagatagcct	ttatccagca	gtattttaag	tggggaatgc	aacgtgaggg	240	
caactgaaca	attccccccg	tggctgcccc	gatagtcaca	gtcaagggtg	gagagtctcc	300	20
ttccagccag	tgacctaccc	aaaccttttg	ttctgtaaaa	ctgctctgga	aataccggga	360	
agcccagttt	tctcacgtgg	acctaggatt	tggcagcctt	ccagaatggg	atggaatctg	420	
gaagcacatg	atgggtgaaa	acctaggatt	tggcagcctt	ccagaatggg	atggaatctg	480	
agggaaagatt	tatgtttcgt	tttgaggat	agctcaagtt	gaattttctt	tccagccagt	540	
taccctttca	acctacccat	actttgtaca	actcttacac	aaatacttag	atattttatta	600	25
gatagccctg	aattcactct	aattataaac	agggagtgtg	aactgcccc	agatgttcct	660	
gggctgggta	aaagcagctg	gagtgaagca	ctcattttcc	ataaaggtaa	caaagggcag	720	
ctcagtgggt	actcaagctc	aaaagggttt	ttttaagagc	aagcattggg	taagtctgtg	780	
tatactgagt	tggaagtgat	ttcagcacat	tcttttttag	tggagtgaag	gttctgaagc	840	
ccccctttta	cttctctctg	gtttttcatt	ataattggta	gccatctcat	gaactgtctc	900	30
tgactgttgt	ctctttgtgg	tcatgtgatt	gtgagcttgc	tttctgactt	gcattttctga	960	
ctttatccctg	ttgttaggaa	gatagaaact	aggttttgaa	agattacatg	attcaagcga	1020	
gggattttta	agtaaaagatg	tattttattct	gaagaatcta	aaagataaca	gattatttgc	1080	
ttatgaaaga	acaatatagt	ctgggaatcc	cagaatgtca	agccaaagg	ctaagaagtc	1140	
atctccttca	aatactttta	taaagaagta	tttcgaggag	atatctgtcc	aaaaagggtt	1200	35
gactggcctc	cagattccag	ttatttttta	aaagcaactt	accactaaat	ccttgagtct	1260	
ccatagagta	acagtaaaga	aactgatgta	acagactctc	ctctcaaagg	atctcctctg	1320	
gaagagacta	tcagcggcag	cattctccag	ggaagaccca	tcccctagt	ccagagcttg	1380	
catcctggag	actaaagatt	gcactttttt	gtagtttttt	gtccaaatgc	aatcccattt	1440	
ctgtgcctct	tagcatgcag	ttagatttgg	acaaacaaga	ttcctaagga	atgactttat	1500	40
taactataat	atggttacag	ctattatata	aatatatatt	ctggttatag	ttctaatatg	1560	
gagatgttgt	gtgcaatgct	ggcctgttgt	ggctctgtgt	atgctttaac	ttgtatggag	1620	
gaggccaggc	tcagagctga	gatgtggcct	gaaccttccc	tgtatcgatc	ctttaattta	1680	
gaactgtcaa	gatgtcactt	tctccccctc	tgcccttttag	tggtatctga	catatactca	1740	
aaacagtaat	ttcctgggtc	catcattaac	tgctaattct	gtattttata	agaattttca	1800	45
gatggacatg	tacaaatttg	aactcaaacc	atccccagtc	cagatacagg	gcagcgtgta	1860	
ggtgaccaca	ccagagcctc	agcctcggtc	cttctcagcc	gtcgggtag	gatccaggca	1920	
tttcttttaa	atctcagagg	tagcagtaaa	cttttcagta	ttgctgttag	caagtgtgtg	1980	
tttgccaata	gataccatt	atactaattg	gccaaagtaa	tgttcattgc	acatctgctt	2040	
ccactgtgtt	cccacgggtg	ccatgaagt	tgtgaggagc	ccctcatctg	gagggatgag	2100	50
tgctgcgttg	actactgcta	tcaggattgt	gttgtgtgga	atattcatct	acataaattt	2160	
tatatgcaca	gtaatttccc	tttttatatg	tcaagtaact	atttgtaaaa	gttatactca	2220	
caaattatta	taatgattac	taatatattt	tttccatgtt	tcattgcctg	aataaaaaact	2280	
gtttaccact	gttaaaaaaa	aaaaagtaaa	aaggaggag	tgggaaaaaa	aagctggggg	2340	
gggggcccgg	tagcc					2355	55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

60

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1339 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

65

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 105

```

25 attcggcagc agcatgaaac atgctcattt. tacctaacag taaacaagta tgttttgata 60
   gatattctgtt aatatgctta tagtggttaag aaatggactt gaggtcccag gagatttcat 120
   tttattcacc ctggtcagat acaataaagg ctatgagtat aaatacataa cttcctaacc 180
   aggtgtaggg catgttcagt aatatcaaat ctttgatgc tggacccaag agaggaaaag 240
30 ttgtagctaa atgttgattt acttataact agacgtctat gtgagaaaat atatgtatac 300
   atatatatga tatgcagaag tcactttttt tatcaggctt tattctcctt acaaagccac 360
   agtttaactg tctgcaacag ttggtttatg ttaatgatag acaaataccc agtggttgtt 420
   actttttcca actaccactg taatgataat ctttctcacg tatatacatg caacttcttg 480
   gcttcatttc catgaagctg tttcaatata ttcagtatac tttgtcctta atgctgcttc 540
35 tgttaacagt gatctctttc tttttttcat tcttatatct tcattagttc atcataaatc 600
   tgtccagttg aggcctcagg accacggcat gatttcatga ctccgaagta ttttacagaa 660
   acatttttta aataagggaa atattttata taccagatgg ttcacaagtg atggctcata 720
   gctagttttt ttttttcttc taaaaaatgt caggttttta aaatcattta ctttattaaa 780
   atgaaaagtg ccatacttaa cttttaaagg aaagacctga cttgcttttt ctctatttag 840
40 actgtttttg tactttacta atctttaaac tatcaggaaa aaaaccaaaa ctttatacca 900
   atgatttagt aattttgagg catagggtag cttacgtagt ggaggatgtg ccaaattattc 960
   tcttcaaatg ccaccttctc aattttataac taaaatagtg ttatctgact aattcctctg1020
   aattttgatg taagatctat ataggccccc aaaatgatcg tagtacatgc cagtcatttc1080
   tcagtgaagt aaatacaata ccagagtaca ttatgggttt tattgctttc ttttatggta1140
45 gacctgttaa tggggaaaaa atacatcaaa tcaaatagaa tcttatatct gtatgttaaa1200
   atagagcact tacctgaagt cagtggcctg gatcatagcc ctggatcatt tcccagtcctg1260
   tcctgtgctg ggtggacctt ggacaaggcg ctgcagtagg tgatggctga gagcccttcc1320
   ctgttcccaa gtgccttgt                                     1339

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3751 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN



(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 106

gatcgcgagc	ggccttttga	atctatttgcg	caaaaagaagt	ttcatttttg	ttacttagac	60	15
ctaagatcac	ttattaaaaa	tccttatttt	ctccaagccc	agcaaacggt	gacttctggg	120	
caaacctgaa	aacctgaaaa	tgccactttc	atgcagtttg	tttgaagtta	agtggatcc	180	
tttcaaatga	cgagctgcag	agaactcagc	accaagggct	gcctatctgt	agatagctgt	240	
aaaatggaat	atttttaaat	gaaggcaaat	aagtacttaa	aagtgcagctg	agcaataaaa	300	
tggtccaata	ataggtaaat	gcaacagaaa	cagaaggaga	cctggttgcc	ttatgccttt	360	20
actcttacat	ggaataaatt	cccaatgcat	atcctatgta	aaccataagt	gaagggaat	420	
aaacctcgtc	atgctccatg	ctgtgaggtg	tcctttggat	attctgtgat	gacagagaag	480	
cctattttgt	tttgttttca	gcctctttct	ctgatgtacg	tttttaagga	ttttgtaaga	540	
gctgttttca	gtgtttaaat	tagtgctatt	tttccttggt	tttaaaaatg	aatctcgtac	600	
tgtatcttac	tatgtccata	cagatgttac	aaatcgacag	ttttattctt	agactcatgt	660	25
gatccaagct	gtatatacca	tatataaaca	ttttacatga	atcatttagt	tttttaattc	720	
atttactaat	gctataaaat	ttcctatatt	accccagtaa	tttgcacag	ctggtttata	780	
tactaaagca	acatgttttg	atgagtttct	tacatcctta	tcgaggaatt	gggttaggaa	840	
aaaatacata	attgtaaaac	tgagtttgct	gtattatact	ttttttcttg	agtattagtt	900	30
gtattactaa	tcataatgtg	attaactgtc	tacttaaaag	caaggtacct	gtatttttaa	960	
tccactaat	tttttttagt	tggaataatg	atttcaggtc	ttttattaga	ctaacttttt	1020	
ttgagaagta	aaattgactt	catatacaaa	gcctgtaatt	ttaggcgaaa	tggaagcaga	1080	
aatctagaaa	cttctgcttg	cttgatgtgt	gagtttggtc	tcagactaag	taatgcatca	1140	
gaattcactc	ctttgaagcc	tgaataaatt	taggactctg	attcactgac	caaaagtcag	1200	35
tggtgcajua	atttctctac	cccgatgggt	atttgtttag	attgttcaac	aggaagcaca	1260	
tgattgagaa	catcttgagg	cagaccaaaa	ccactgacag	atggcaaggc	tcggcgattc	1320	
tgatttccct	tctcaaatct	gctcaactcc	aagagtcttg	agaaaactgt	aaaattttgc	1380	
ctctgacact	caagtctttac	aaatgttatc	ttgtaaacct	ttgaggtgaa	ctattccact	1440	
gtcttgtaaa	taggcactct	attcactgca	cctgtgcaca	cccagcacc	cccggccgcg	1500	40
acattatttg	aaagactggg	aatttaattg	ttagggacag	taaatctact	tctttttcca	1560	
gggacgactg	tccctcttaa	agttaaagtc	aatacaagaa	aactgtctat	ttttagccta	1620	
aagtaaaagg	tgtgaagaaa	attcatttta	cattgggtag	acagtataaa	acaagtaaaa	1680	
taacttgaca	tgagcacctt	tagatccctt	cccctccatg	ggctttgggc	cacagaatga	1740	
acctttgagg	cctgtaaaag	ggattgtaat	ttcctataag	ctgtaaatag	ggaggtattg	1800	45
tggtttcaat	tgagtaagcc	ctccaaagat	accattcaaa	taacctggga	gaatgtcata	1860	
aattattcag	ataatttaaa	ctgcatgaat	ctgattcaga	ggcatgcatt	tacatatggt	1920	
gcctaataa	ccatttgatg	atcataaata	caagtgaatg	acattggact	tttagtaaca	1980	
aacttaattt	ttaaaaaggt	gtagacaatg	gtggttaaaa	aaaaaaaaaa	aacaggtacc	2040	
aggttctgtc	tggttgacac	aagtaattga	catgtttttt	gtttaataca	tgtggaccat	2100	50
gaacagtatt	cattctactt	tttcaaatga	tatgctgtag	aaaatattcc	ttgaagatgt	2160	
gagatttaaa	aatttttccc	tttcaatggt	gttttaattg	tatttcttac	ttggtttttt	2220	
tgattgatac	cacagtgata	aatcataata	ctagacaaaa	ttgtcttctc	tttcaaacca	2280	
gagccataaa	tatgtrngta	tatatgggac	ctactgcttc	tctgaggaaa	tgcataatct	2340	
gttaatatca	gacaaaaaga	gcaattggca	gtgctcataa	tatatcccaa	tttttattgg	2400	55
aattttcgat	ggaatgttat	ttcaataaaag	ccatgtaagg	tgaaactttg	ataacttttt	2460	
actcttcaac	ttagggtaaa	ttctgatcca	atattcaatt	catttggtga	ctcccacatg	2520	
caaaatgcta	aattacaatg	cagacattaa	gaaaaagtat	tgactggagg	gggtgaattc	2580	
cttgagaatt	tattttatag	tctaaatcac	aaatacttta	ctcaatttag	tttttaaaat	2640	
agtaaaactga	atatttttgt	tgtaagccta	tcagagtcaa	tccttcgttt	ggaattgttt	2700	60
tcctgttttt	ccttactata	aatcatttaa	aaactgaatt	cattttctta	gatggcataa	2760	
gtctgtctct	tgagaaaata	gtaaaatact	cctattttca	gtatctgtag	cacctgaaat	2820	
aggtctttgt	atagccagaa	acaagttatg	ttgaagttag	cttttctttg	tcaacagttt	2880	
tggaacaata	aaatctgaaa	gtattaacac	ttgattttct	actggggccc	ttcaaaactg	2940	
gttggaagaa	attcaaccag	aatatctaca	ttagagtata	atcatgtgtg	gtaggaagat	3000	65

```

ggactagtta atcaagattt gttgtcactt aaatTTTTtg tgattttttt cceagccagt 3060
TTTTTTaaat tctaaatgtg ttttgaggta tgggtacatt atttGtaatg taaactatt 3120
tacaactgtt tttgcgactt tataggcagg taaatTTTgc tattactatt gaatacaaat 3180
5 gacaattcat ttatgaccac tcaaacagcg ttagttaacca tttagtgaca aaggattaaa 3240
acatccatct ggatgttaat tttgaagatg taaattatat gttgtttaaa ttttccagg 3300
catctgaaaa ccttatctgc tagacaatgt aagattcaca cagagttatc tgggattctg 3360
atTTTTTaaa tagtacatat cattaaacca ttttctctaa atgtaagaag agcagaaaaa 3420
atcttataag attatcagat ttttctaagt acacagaaat gtaagaaaaa aatcccttta 3480
10 tattgaaaaa agatgcagtc aaagtctttt cagacatgcc caaactttga gaatttcttc 3540
aaccatctaa tgctataaag atttttgttc ttctgttca caaccagttg tataacagaa 3600
atactagcta ctgttttctt tcctgtgtgt gaagtaatga atcattgatt atgtgacttg 3660
ttatgtattc aattaaacac taaagaataa aacattcact cctttaatta ataaaaaaaa 3720
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa a                                     3751

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 300 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 107

```

cgctcggccc ccgcggagag atcgaggtgt acttggccaa gagtctggcg gaaaagctgt 60
atctatgtca gtaccctgtg cgtccagcct c gatgacctt c gatgacctt ccgcacctct 120
cagccaagat caagcccaag cagcagaagg tagagcttga gatggccatc gacaccctga 180
50 acccaacta ttgccgcagc aaaggggagc agattgcgt gaacgtggac ggggcctgcg 240
ccgacgagac cagcacgtat tcctcgaagc tgatggacaa gcagaccttc tgctcttccc 300

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1465 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

# DE 198 18 620 A 1

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 108

```

gccaaccttc cctccccaa ccctggggcc gccccagggt tcctgcgcac tgctgttcc 60
tcctgggtgt cactggcagc cctgtccttc ctagaggagc tggaacctaa ttctctgag 120
gctgaggag ggtggagggt ctcaaggcaa cgctggcccc acgacggagt gccaggagca 180
ctaacagtac ccttagcttg ctttctctct cctcctttt tattttcaag ttcttttta 240
tttctccttg cgtaacaacc ttcttcctt ctgcaccact gccgtacct ttaccgccc 300
cgccacctcc ttgtacccc actcttgaaa ccacagctgt tggcagggtc ccagctcat 360
gccagcctca tctcctttct tgttagcccc caaaggccct ccaggcaaca tggggggccc 420
agtcagagag ccggcactct cagtgtccct ctggttgagt tggggggcag ctctgggggc 480
cgtggcttgt gccatggctc tgttgaccca acaaacagag ctgcagagcc tcaggagaga 540
ggtgagccgg ctgcagggga caggaggccc ctcccagaat ggggaagggt atccctggca 600
gagtctccc gagcagagtt ccgatgccct ggaagcctgg gagagtggg agagatccc 660
gaaaaggaga gcagtgtca ccaaaaaaca gaagaagcag cactctgtcc tgcacctgg 720
tcccattaac gccacctcca aggatgactc cgatgtgaca gaggtgatgt ggcaaccagc 780
tcttaggcgt gggagaggcc tacaggcccc aggatatggt gtccgaatcc aggatgctgg 840
agtttatctg ctgtatagcc aggtcctgtt tcaagacgtg actttcacca tgggtcagg 900
ggtgtctcga gaaggccaag gaaggcagga gactctattc cgatgtataa gaagtatgcc 960
ctcccaccgg gaccgggccc acaacagctg ctatagcgca ggtgtcttcc atttacacca 1020
aggggatatt ctgagtgtca taattccccg ggcaaggcgg aaacttaacc tctctccaca 1080
tggaaccttc ctggggtttg tgaaactgtg attgtgttat aaaaagtggc tcccagcttg 1140
gaagaccagg gtgggtacat actggagaca gccaaagact gagtatataa aggagaggga 1200
atgtgcagga acagaggcgt ctctctgggt ttggctcccc gttcctcact ttccctttt 1260
cattcccacc ccctagactt tgattttacg gatattctgc ttctgttccc catggagctc 1320
cgaattcttg cgtgtgtgta gatgaggggc gggggacggg cgccaggcat tgttcagacc 1380
tggtcggggc ccactggaag catccagaac agcaccacca tctaacggcc gctcgaggga 1440
agcaccgggc ggtttgggag aagtc
1465

```

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 109:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

50

(A) LÄNGE: 1488 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

55

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

60

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

65

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 109

```

cgcccgagg agcaggatgg agatccctgt gcctgtgcag ccgtcttggc tgcgccgcgc 60
ctcgcccccg ttgcccgagc ttteggcgcc cggacgcctc tttagaccagc gcttcggcga 120
ggggctgctg gaggccgagc tggctgcgct ctgccccacc acgctcgccc cctactacct 180
gcgcgcaccc agcgtggcgc tgcccgtggc ccagggtgccg acggaccccc gccacttttc 240
ggtgctgcta gacgtgaagc acttctcgcc ggaggaaatt gctgtcaagg tgggtggcga 300
acacgtggag gtgcacgcgc gccacgagga gcgcccggat gagcacggat tcgtcgcgcg 360
cgagtccac cgctcgtaac gcctgccgcc tggcgtggat ccgctgcgc tgacgtccgc 420
gctgtcccc gagggcgtec tgtccatcca ggccgcacca gcgtcggcc aggcccccacc 480
gccagccgca gccaaagtagg agggggctgg gcgcgcgccg .caccceggga gcctcctcag 540
gctccctcta ttaaagcga tctgactccg ccagccaga tgccccgagt gcgccaagga 600
ctgtcctctc accactcct ggattctgcc ctgacctcca tcctggacac tgccttgata 660
acatagaccc ttccactgac accctcgctc tcagagcccc tccagcttcc cgacccccaca 720
ccgacaactc ccggcttcc agaccctacc agcactacc taacctcag ccgacagtct 780
cagccccacc gaccacttt cttggcatat agccccactt aagaccctc ctctacttcc 840
ttctgagtcc tctacaaaga catccgggta ctacatttcc atcccttccc tattttgaca 900
ccaaattatg gtgtagacag ccctggccca accccaggcc agtcaggcac aatcccccca 960
ccccccaaac gtccctggact gcacagacct ccactccag accatccagg cctggttccc1020
aagaccgat ccttccctg caaccagaca gtctacaact gccccctcca gccattttc1080
tgccgtgaca ccccgccag ccacaccaga ctctggaacc ctttttcgac tgccccact1140
cttggaacac aggcgaacta gaacacccaa caccaaactg tacagactct cccaccccaa1200
cctccccaga ctctgacagg atgtcctagg cccctcccc aactctaacc agaccccatc1260
cccctaagtc ccttttctt gacccccaaag tcttcaacca gatatcctcg gcaaccacac1320
tcccaccctc cctctctct ccttcaagac ccaactgagc acccgctctg attccccaca1380
gcctttctcc ctgcaccac tccttagtc tttcccaggc ttactctccc aataaatgtg1440
ctagagctct gccaaaaaaa agaaaaaaa gtcgacgcgc cgggaatt 1488

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 783 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 110

5

```

aacatattgt tgaaaggtaa tttgagagaa atatgaagaa ctgaggaggga aaaaaaaaaa 60
aaagaaaaga accaacaacc tcaactgcct actccaaaat gttgggtcatt ttatgttaag120
ggaagaattc cagggtatgg ccattggagtg tacaagtatg tgggcagatt ttcagcaaac180
tcttttccca ctgtttaagg agttagtggg ttactgccat tcacttcata atccagtagg240
atccagtgat ccttacaagt tagaaaacat aatcttctgc cttctcatga tccaactaat300
gccttactct tcttgaaatt ttaacctatg atattttctg tgccatgaata ttgttatgt360
agataacaag acctcagtgc cttcctgttt ttcacatttt ccttttcaaa taggggtctaa420
ctcagcaact cgcttttaggt cagcagcctc cctgaagacc aaaattagaa tatccatgac480
ctagttttcc atgcgtgttt ctgactctga gctacagagt ctgggtgaagc tcacttctgg540
gcttcactct gcaacatctt tatccgtagt gggtaggtt gacactagcc caatgaaatg600
aattaaagtg gaccaatagg gctgagctct ctgtgggctg gcagtcctgg aagccagctt660
tccctgcctc tcatcaactg aatgagggtc gcatgtctat tcagcttcgt ttatttttca720
agaataatca cgctttcctg aatccaaact aatccatcac cgggggtggg ttttaagtgg780
gct
783

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

25

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1045 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 111

```

tctgttctgt ggacaactgt tactgttctt cegtggccaa ccatggcggc caccagccct 60
accccgcctc cggccacttt ccttgacag tgccctcgca ggagtactca caccgcctcc 120
cgcccacacc ctccgtcccc cagtcccttc ccagcctggc ggtcagagac tggcttgacg 180
cctcccagca gcccgccac caggatttct acagggtgta tgggcagccg tccaccaaac 240
actacgtgac gagctaagcg cagcagggcg gcggggcgct ggggaatctt cctccccagc 300
ccccgggctc gggagttagt catccagaga cctgcccttc taccttctc gcctcccctc 360
ttcctcattc cattgcccc ggtcttttcc ttttgattt tgttttgggt ttggctttgt 420
ttttgattt tttttattat gaatctcctg gacgcagagg tgacagtggg agctggcctg 480
ggccaggacg gcagggtggc ctggagatgg gaaagtgtct gtgtcgaggc gctgagctct 540
ctctctgttt ctctcttttt cctctactcc ttccccttca ccccccggt gctggaagga 600
acctcggtt ccttgaaagc ttgggggtcc cacccttctt accccacccg ggaggaacgc 660

```

65

```

ccagggcccc gggcttgttt ctctcttctgt tttctttttg ggcagtttca tcartgateg 720
agtaagggaat gaccttttaga ttgtgcgact tttgtttttg ttttttttaa ttttttttaa 780
ccaagaatga tttctctctgc ttcttctctcc tcaccatctt cccagacgga gttcaaaggc 840
5 cacttctcaa gcagcttttg gcaccttcag cctcagagtg gaatctttta aagacaggac 900
ccctatgtcc aggaagggg aaaaggaact ttgccaatga tagtgaccac agcaaaagca 960
aataataata atattaataa taataaaaga gaaaaaaa aatagaataa aaaaccaata 1020
gcacagcccc ttgttgaagg tccag 1045

```

10

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:

## 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1386 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

35

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 112

```

cacactcact gccatgaag gaagaggggg caagtgtacc gaggaagggg atgcctcaca 60
gcaagagggc tgcaccttag gttctgaccc catctgcctc agtgagagcc aggtttctga 120
45 ggaacaagaa gagatgggag ggcaaagcag cgcggcccgag gccacggcca gtgtgaatgc 180
agaggagatc aaggtagccc gtattcatga gtgtcagtggtgtggagg atgctccaaa 240
ccggatgtgc ctgctgtcac acaaagatga cgtgaaggag ggagaagggtg gtcaggagag 300
tttcccagag ctgccctcag aggagtgaag gggacaattt ggctgaagtc tttctctgaa 360
aaaagccaaa gggttatagg ggtacactta ggggttgcat gcaagctgtt accaaaaaat 420
50 ttttaagtat tttcttaatt tgaataataa aaccagagga aatgcataca gggcatgagc 480
aactgaggca aacctttgtg gacatgaatt gttctacgat gaatttttgc tttagtattt 540
taataagaat tacaagaca atggcatact tgggttgaga gggagctgag gatgtctgag 600
gagggaatag tattgcaggg aagactgaga aaacagtagg atgacagttt tgagtatact 660
ctgcactttt caattgtgca atcttcttgt gcactttaag gctttttaat tttgtttgag 720
55 aatgcaaatg tatactgtaa gtctaccttt actatctact atgcctactt caccatctct 780
taaggactcg gcatttgttc acagtcagac tgcaagagag ggtagggtcat gaacagtcac 840
ccgtgtctggc tgtagcccc acagaggcaa tcatgcccaa tagattcaag agaagctaaag 900
cggaatgga ggggtggaagg tgtgatctgt gggactgtct gggcctgtta ctcatcctgc 960
tatcaatttc ttattaatta atcttgatga ttcttattaa ttaatcacat ttgcaggaaa 1020
60 ttcagatgag gcaagaaaat tttattggcc tgggtaagac tgaaagcatt ccaaatagg 1080
cttagactgt gcaaagggct tagctaagtt atcgagctta aaaccggtca attaaacaa 1140
cattatttga acagttactg catgccacgc actgtgttg gcttagtaat aaaaaaaga 1200
aaagataagt gcttgttcta gcataaatta aaaggtccaa ggaatttaa tctggaagag 1260
aacatatgcc aattttttaa ctatgacagc ttttttttcc tctttccatt caaataggcc 1320
65 cgggttcagt ccagaaggg cacaaaatga atgaataaat aaataaatga ataaagacaa 1380
aaaaaa 1386

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1747 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

10

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

20

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113

30

```

ccagtctgtg agcccttgtc ctgtgggtcc ccaccgtctg tcgccaatgc agtggcaact 60
ggagaggcac acacctatga aagtgaagt aaactcagat gtctggaagg ttatacgatg 120
gatacagata cagatacatt cacctgtcag aaagatggtc gctggttccc tgagagaatc 180
tcttgagtc ctaaaaaatg tctctccc gaaaacataa cacatatact tgttcatggg 240
gacgatttca gtgtgaatag gcaagtttct gtgtcatgtg cagaagggtg tacctttgag 300
ggagttaaca tatcagtatg tcagcttgat ggaacctggg agccaccatt ctccgatgaa 360
tcttgagtc cagtttcttg tgggaaacct gaaagtccag aacatggatt tgtggttggc 420
agtaaataca cctttgaaag cacaattatt tatcagtgtg agcctggcta tgaactagag 480
gggaacaggg aacgtgtctg ccaggagaac agacagtgga gtggagggtt ggcaatatgc 540
aaagagacca ggtgtgaaac tccacttgaa tttctcaatg ggaaagctga cattgaaaac 600
aggacgactg gacccaacgt ggtatatccc tgcaacagag gctacagtct tgaagggccca 660
tctgaggcac actgcacaga aaatggaacc tggagccacc cagtccctct ctgcaaacca 720
aatccatgcc ctgttccttt tgtgattccc gagaatgctc tgctgtctga aaaggagttt 780
tatgttgatc agaatgtgtc catcaaatgt aggggaaggtt ttctgctgca gggccacggc 840
atcattacct gcaaccccgga cgagacgtgg acacagacaa gcgccaaatg tgaaaaaatc 900
tcatgtggtc caccagctca cgtagaaaat gcaattgctc gaggcgtaca ttatcaatat 960
ggagacatga tcacctactc atgttacagt ggatacatgt tggagggttt cctgaggagt 1020
gtttgttttag aaaatggaac atggacatca cctcctatgt gcagagctgt ctgtcgattt 1080
ccatgtcaga atgggggcat ctgccaacgc ccaaatgctt gttcctgtcc agagggtgg 1140
atggggcgcc tctgtgaaga accaatctgc attcttccct gtctgaacgg aggtcgctgt 1200
gtggccctt accagtgtga ctgcccgcct ggctggacgg ggtctcgctg tcatacagct 1260
gtttgccagt ctccctgctt aaatggtgga aaatgtgtaa gaccaaaccg atgtcactgt 1320
ctttcttctt ggacgggaca taactgttcc aggaaaagga ggactgggtt ttaaccactg 1380
cacgaccatc tggctctccc aaaagcagga tcatctctcc tcggtagtgc ctgggcatcc 1440
tggaacttat gcaaagaaag tccaacatgg tgctgggtct tgtttagtaa acttgttact 1500
tggggttact ttttttattt tgtgatatat tttgttattc cttgtgacat actttcttac 1560
atgtttccat ttttaaatat gcctgtattt tctatataaa aattatatta aatagatgct 1620
gctctaccct cacaatatgt acatattctg ctgtctattg ggaaagttcc tggtagacat 1680
ttttattcag ttacttaaaa tgatttttcc attaaagtat attttgtctac taaataaaaa 1740
aaaccgc

```

65

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1526 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114

```

cgagcccaca ggccccggag tagcagcggg gaggcgggga gcccgcgggc cggagccgcc 60
cggccgaggc gtgggggctg cggggccggc ccatccgtgg gggcgacttg agcggtgagg 120
gcgcgcgggg aggcgagcca ccatgttcag ccagcagcag cagcagcagc tccagcaaca 180
gcagcagcag ctccagcagt tacagcagca gcagctccag cagcagcaat tgcagcagca 240
gcagttactg cagctccagc agctgctcca gcagtcacca ccacaggccc gttgccatgg 300
tgtcagcggg ggtccccgcg agcagccaca gcagccgctt ctgaatctcc agggcaccac 360
ctcagcctcc ctctcaacg gctccatgcg gcagagagct ttgcttttac agcagttgca 420
aggactggac cagtttgcaa tgccaccagc cacgtatgac actgccggtc tcaccatgcc 480
cacagcaaca ctgggtaacc tccgaggcta tggcatggca tccccaggcc tcgcagcccc 540
cagcctcaca cccccacaac tggccactcc aaatttgcaa cagttctttc cccaggccac 600
tcgccagtc tttgctgggac ctctctctgt tgggggtcccc atgaaccctt cccagttcaa 660
cctttcagga cggaaccccc agaaacaggc ccggacctcc tcctctacca cccccaatcg 720
aaaggattct tcttctcaga caatgcctgt ggaagacaag tcagaccccc cagagggggtc 780
tgaggaagcc gcagagcccc ggatggacac accagaagac caagatttac cgccctgccc 840
agaggacatc gccaaaggaa aacgcactcc agcacctgag cctgagcctt gtgaggcgtc 900
cgagctgcca gcaaagagat tgaggagctc agaagagccc acagagaagg aacctccagg 960
gcagttacag gtgaaggccc agccgcaggc cggtatgacag taccgaaaca gacacagaca 1020
ccagacctgc tgcctgaggc cctggaagcc caagtgtgtc cagcattcca gccacgggtc 1080
ctgcaggtcc aggccagggt gcagtcacag actcagccgc ggataccatc cacagacacc 1140
caggtgcagc caaagctgca gaagcaggcg caaacacaga cctctccaga gcacttagtg 1200
ctgcaacaga agcaggtgca gccacagctg cagcaggagg cagagccaca gaagcaggtg 1260
cagccacagg tacagccaca ggcacattca cagggcccaa ggcaggtgca gctgcagcag 1320
gaggcagagc cgctgaagca ggtgcagcca caggtgcagc cccaggcaca ttccacagcc 1380
cccagggcag gtgcagctgc agctgaggaa gcaggtccag acacagactt ttccacaggt 1440
gcacacacag ggcacagcca agcttccagg cacagggagc ttcttccggg cgcggtgttc 1500
agtttcaggc caccaggggc agggcc
1526

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:



# DE 198 18 620 A 1

- (A) LÄNGE: 1205 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 115

25

```

cccagagaaaa accaatattaa tgccttctggt ctcagcattt cacagcatgc aggactcaaa 60
tggatacaaac agaagaaaaac aaccacacaat ttttggaata ccctttgtcc aatgattcat 120
atattgatata ctattgacaaa tcctcttagaa ctttaaatac caaaaacaaa aaagtactgt 180
ggatctccct cgagccgaat tcggtctgag ggcggtcacc tggagatgag aaaggcccg 240
gggggggacc atgtgcctgt gtcccacgag cagccgagag gcggggagga cgctgctgcc 300
caggagccca ggcagaggcc agagccagag ctggggctca aacgagctgt cccggggggc 360
cagaggcccg acaatgcaa gcccaaccgg gacctgaaac tgcaggctgg ctccgacctc 420
cggaggcgac ggcgggacct tggccctcat gcagagggtc agctggcccc gagggatggg 480
gtcatcattg gccttaaccc cctgcctgat gtccagggtg acgacctccg tggcgccctg 540
gatgccagc tccgccaggc tgcgggggga gctctgcagg tgggtccacag ccggcagctt 600
agacaggcg cctgggcctcc agaggagtcc tagcacctgc tggccatgag ggccacgcca 660
gccactgccc tccctggcca gcagcagggtc tgtctcagcc gcatcccgac caaactctgg 720
aggtcacact cgccctctcc cagggtttca tgtctgaggg cctcaccagg tgtgagtgc 780
agtataaaag attcactgtg gcctcgtttc cagaatgttc ttgctgtcgt tctgttgag 840
ctcttagtct gaggtcctct gacctctaga ctctgagctc actccagcct gtgaggagaa 900
acggcctccg ctgcgagctg gctggtgcac tcccaggctc aggetgggga gctgctgct 960
ctgtggtcag gcctcctgct cctgccaggg agcacgcgtg gtcttcgggt tgagctcggc 1020
cgtgcgtgga ggtgcgcag gctgctcatg gtcccaacac aggtactgt gagagccagc 1080
atccaacccc acgcttgag tgactcagaa tgataattat tatgactgt tatcgatgct 1140
tcccacagtg tggtagaaag tcttgaataa acacttttgc cttcaaaaaa aaaaaaaaaa 1200
aaaaa
1205

```

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3968 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

60

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

65

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116

```

15 ggtattttcta aaacataaag aggagaatta agtcagctgc agaacaatgg ggctgattct 60
   tctgcttttt ctctggaaaa tctttcattg cttttggtgg aaatttacct agaggttaca 120
   accacaggat gtagcttggg ctcttatttg ctttttggg aaaccaatta agattaatac 180
   aggataaagg aaaaaagcaa tctattcatt atataacaca gttgtttgta ttacttgttc 240
20 cctgcaaagg aaatctgttg aatgcttgca ttttgaattc ttttctaata gaacaaccaa 300
   aaaaggcttc ttatggtgca gcaggaaaaa agatcatttt tatagctttg cattcttaac 360
   atagcattta aagagcggca tgaattagag gaaagacatg gaacacacag gtagtcggtt 420
   tgagatcatc ggcttaaaag tatcctagga tggtaatgac ccagaagtat ttccagttgt 480
   ctagtgggtg ggtatgcagg aatgagaagt gttttctttc catttcctgt tggacagggtg 540
25 gcaatcttag cagagccact atttggagtt gataactaaa gatgcaaata acatgactat 600
   gccttctggt catcctagga ctatttggag ttctccaaaa ccttgtaaga ggcatgtcag 660
   gcatgcagta aaagcatcta caacttcagc tgggcactgg cagcataggt ctcatcttgg 720
   accatacagt cccactttat agaagagggt ggaagtcttc caaaacaata tccacaacaa 780
   agtctgacct cactctgagg gagatgggaa gtgggaggaa gaaggactaa ccagctccct 840
30 ggagtaagag gaatttgctt tccctgtctg cccaccaggg gctatatgtg ccacctttca 900
   ggttggggcc aaggaagtga tgtcagtggt acagaaggga gagttagacc tccagacgtc 960
   agcctccctc ccatggggta cattttcaat ctgagtgttg ttgccttagc tgtgttggta1020
   ttagcttgat tggttggtcc gctggttatg aggtgtaggg aggcagtttt tgtttagttt1080
   ttaggacttt gcctcttcct ttgtccttag cataatttct aggcagagca tccacgaagt1140
35 cggttttcat tgccagctca agagcgacaa tcatttacga gttcctatgt tatgttaggt1200
   gccttatgta tattatccca aatccactgc atggtttaaa tacaggcact ggaatataaa1260
   tgaaaaaggt cattacagtc actgactttc tgcaggacct taaacatttc tctttccaca1320
   agtttccctc taatcatgtg tcaaacctct ctctctgacg ggaatgttgt gctataatga1380
   atctgcataa cgcttgggat tctaggagga aggaagggtc catggacatg taagtacagc1440
40 atattccctc cagtcttcta ggagggcaga gtgaatccca gaactggtaa gattgggaat1500
   ctgagcattg ccactttaat cttagaatat ttatcatttt gacacatcct gttttttaga1560
   gagggaaaca aacacagttt ctgcattggg agtgtaaagc atacctgtt aggaacgtgt1620
   tttgtaagac acatttgggt tgtcattcta gagcatgtca aactttgtac ttcaaaatat1680
   atttagtatg attgttagtg gtaacatata tcaaggcttt gaattaaactg ttttatttaa1740
45 ttttacaag aagcacttat tttagccata ggaaaaccaa tctgagctac aaatagttct1800
   ttaaaataag cccaggttat ttagctattc tagaaagtgc cgacttcttt caagaagcag1860
   gcattgtagg acagctgaga attatcacat agcctaaatt ctagcctggc agcaagagtc1920
   acatctgaga tgtccaaaaa aaaaaaaaaa aaacacctga tctacattga aaggggtag1980
   actaacgtat gtgagaccat tttcctattd gcagttacaa ggttaaagaa ctttgaagg2040
50 cattcggtg ctaagaggca tgtcgaacac tctgtgtggc tctttcacag taaaccctcc2100
   taagagcaga agacacatgg ctgttagtgt ctgcgtttag atttaatttc tcaaaataag2160
   gcccttggct gcgtatcatt tcatccagtt ataaactagg gctcctgcaa gcacccccat2220
   tctaagggtg aattattgaa atcagttgct atttgatgag tcacaactgg cccagcaggc2280
   agggcatttg aagtcattgg catcaaaaag aaatgattgt tttttgaaaa gctaaatgct2340
55 taaaaatgct ctagagggaa gtcgtggggc gtgtgctcat tctctttaaa atcagggttg2400
   ttgagtttgt ttttaaacat ttttagaagt tcatgagaaa aaatatataa attctaagaa2460
   ccaacactgt attcccagaa acatgacct cgctggtctt ggggtccacat atcattggac2520
   tctgggggac acaaagatgc ctgtgacact ttggtgttgc cgagttagtc aacaattatt2580
   ctgggaaaaa gcagaattga attcttctct agatgtccta ccagggttgg ccaagggcc2640
60 caaagcaggc taataaattc ccacaggatc cagacaccag gcaaaattgc tctaagaagc2700
   cagttactgt catccctcta tggttctaga aaaaatagta caaaaatgac aggtcatcct2760
   atgagcgtca tgccaatgaa accccatctt ctggagaagc ccttgaatca gaattatctt2820
   ttttcttgat gtcgtcagat gcagccagtt tcttaatttt tttaaaaact gtatgtttct2880
65 gtggtatgta tatttgtaca cctaactacc tggcacttgg aaatcacagc actactcaga2940

```

# DE 198 18 620 A 1

```

ggcaattgaa taaagagaaa ttttaatttta aatatcaagt cctgtcaaac atttctcaaa3000
cttctgattt tatcaaaggt ttgccagcca ataaaagtga tcccaagtat acaggggag3050
aagctagact cctacagggt cctagagttt aagtaatttt tttgttatta atataggtaa3120
taatttttct aatttttatt ttttggttcc aaatgtaaag ctccctgtgt ttacctctgt3180
ttatgtcatt cttgacatgt ttatctaaat tatgtgtgct ctgtgacagg tgaaatgtaa3240
atctgggagc catagtcaag atatacataag gacctacttc ccagcctacc tttcttcctc3300
tacctgataa tgataaact caaaataaca acattcaaag gaaacacaaa gaaatcctgc3360
tttcacatct cctatttctt gggctcctta ataactactg atggtttgtt catgaaaaaa3420
aattttttaa tcaaaagatt gtacttggcc ctgagttgaa aaaatttcaa aaatcaaaag3480
tttgtacttg gccctgagtt gaaaaaaaat attcacattc taagaataaa cagaaaaatg3540
ttcttcttgg aagtaataaa caaaagccat agtggtttca tttgtctttt cttcaggata3600
cacggtagaa gtcagagaat ctttgatact tttatttggg gcaataatca aggccatgca3660
acaacccaaa atcaagcatt ttggttcaag tcaggatgac atgagtgggg acagaagctg3720
tggcagtcac tcaataatc tcatgggtcc tgaggaaaag acaggagtta acgtattaag3780
tttctactat atgcaggaac tgtgttaaat attttacata agttttgata atagctaaca3840
ttagctgagc acaaaatttg ggccctgatt tgtgctgagt atctttcaca gattactgct3900
tttaatcagc agtccttgtg agctaggat gatcattatc cccatttata gattacggat3960
gagattcg
3968

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 798 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117

```

gtaatgggaa atttggtgtg ctgaatcttc ttccctaggat attgatatat tccacgcttc 60
tagtgggtat tctgggaatt ttaccctgct cagtatttgc cctagggtag tagaaagagg120
agattgtcca aacttagcag tatgggtccat ctggtgtaga agtggaaatg tcatacagga180
tagcaaacac tcttggttcc tttttgcccc ggcttgccca gagccggcaa cagcaacaaa240
atgtggagga tgcaatgaaa gagatgcaaa agcctctggc ccgctatatatt gatgacgaa300
atctggatag gatgctaaga gaacaggaaa gagaggggga ccctatggcc aacttcatca360
agaagaataa ggccaaggag aacaagaata aaaaagttag acctcgctac agtgggtccag420
cacctcctcc caacagattt aatatctggc ctggatatcg ctgggacgga gtggacagat480
ccaatggatt tgaacagaag cgctttgccg ggcttgccag caagaaggca gtggagggaac540
ttgcctacaa atggagtgtt gaggatattg aaatttcttg aggctgtggg ggtggctggg600
ctgtggtagt gggcataggc agcgagatat ccagtggtaa cagttgtctg tgctaataat660
tgagaccac acagaccagc aacttgttga atgccagttt tgaccacaga agaataattcg720
agacctgatg tttggattga ggtacctgta cttcttgggg tgttgacagc agcgggtgtt780
ggtgggtttt..cagaggaa
798

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 118:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1068 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 118

```

cccctctctg tgactcagtc tctgagcgtt ttaatacgat ggtgtccccg cgggatcaaa 60
cttcagcgtc acagctgagg actggcttcg tggtcctga tgggagagca tgaacaggtg 120
gtatgtgaag cccttgaga ccagctcttc caaagtcaaa gccaagacca ttgtgatgat 180
tcccgactcc cagaagctcc tgcgatgtga acttgagtca ctcaagagcc agttacaggc 240
ccagaccaag gctttcgagt tcctgaacca ctcaagtacc atgttggaga aggagagctg 300
cttgacagca atcaagattc agcagcttga agaggtgctg agccccacag gccgccaggg 360
agagaaggag gagcacaagt ggggcatgga gcagggccgg caggagctgt atggggccct 420
gacccaaggc cttcaggggc tggagaagac cctgcgtgac aqtagaggaga tgcagcgggc 480
ccgcaccact cgctgcctgc agctgctggc ccaggagatc cgggacagca agaagttcct 540
gtgggaggag ctggaactgg tgcgggagga ggtgaccttc atctatcaga agctccaagc 600
gcaggaggat gagatctcag agaacttggt gaacattcag aaaatgcaga aaacgcaggt 660
gaaatgccgc aaaatcctga ccaagatgaa gcagcagggt catgagacag ccgcctgtcc 720
ggagactgaa gagataccgc aggagccagt ggctgctgga aggatgacct ccagaaggaa 780
ctgagtata tatggtctgc tgtgcacgtg ctgcagaact ccatagacag cctcactttg 840
tgctcggggg cctgtcccaa ggctcagac ctaagaggcc acaaggggca ccagtgcctg 900
agccctccac tcccctcctg ggactctgac tccgactctg accaggacct ctcccagcca 960
cctttcagca agagcgcgcc ccccttccca cccgcttgag cagccgggac tgctctccct 1020
gaagaccctt ccagagagaa aataaactag ccagaccct cctctaaa 1068

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 119:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 4584 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 119

ctcgagccgc	tcgagccgcg	gaagtaattc	aagatcaaga	gtaattacca	acttaattgtt	60
tttgcatggg	actttgagtt	aagattatct	tttaaattcct	gaggactagc	attaattgac	120
agctgaccca	ggtgctacac	agaagtggat	tcagtgaatc	taggaagaca	gcagcagaca	180
ggattccagg	aaccagtggt	tgatgaagct	agggcttggg	gcaagagggc	aagcagcagt	240
tggtgggtgaa	gataggaaaa	gagtcacagg	gccagtgcga	tttgggtgaag	gaagctagga	300
agaagggaagg	agcgcctaacy	atttgggtgg	gaaaagagga	attgggagtg	gtaggatgaa	360
acaattttgga	gaagatagaa	gtttgaagtg	gaaaactgga	agacagaagt	acgggaaggc	420
gaagaaaaga	atagagaaga	tagggaaatt	agaagataaa	aacatacttt	tagaagaaaa	480
aagataaatt	taaacctgaa	aagtaggaag	cagaagaaaa	aagacaagct	aggaaacaaa	540
aagctaaggg	caaaatgtac	aaacttagaa	gaaaattgga	agatagaaac	aagatagaaa	600
atgaaaatat	tgtcaagagt	ttcagataga	aaatgaaaaa	caagctaaga	caagtattgg	660
agaagtatay	aaalalagaaa	aatataaagc	caaaaattgg	ataaaatagc	actgaaaaaa	720
tgaggaaatt	attggtaacc	aatttatctt	aaaagcccat	caatttaatt	tctgggtggtg	780
cagaagttag	aaagtaaaag	ttgagaagat	gagggtgttt	acgtagacca	gaaccaattt	840
agaagaaatc	ttgaagctag	aagggggaagt	tggttaaaaa	tcacatcaaa	aagctactaa	900
aaggactcgt	qtatattttaa	aaaaactaag	gcagaaggct	tttggaaagag	ttagaagaat	960
ttggaagggc	tttaatatag	tagcttagtt	tgaaaaatgt	gaaggacttt	cgtaacggaa	1020
gtaattcaag	atcaagagta	attaccaact	taatgttttt	gcattggact	ttgagttaag	1080
attatttttt	aatcctctag	gactagcatt	aattgacagc	tgaccagagt	gctacacaga	1140
agtggatcca	gtgaatctag	gaagacagca	gcagacagga	ttccagggaac	cagtgtttga	1200
tgaagctagc	actgaggagc	aagcgagcaa	gcagcagttc	gtggtgaaga	taggaaaaaga	1260
gtccaggagc	cagtgccgatt	tggtgaagga	agctagggaag	aaggaaggag	cgctaacgat	1320
ttggtgggga	agctaggaaa	aaggattcca	ggaaggagcg	agtgcatttt	ggtgatgaag	1380
gtagcaqqcg	qcltqqcttg	gcaaccacac	ggaggaggcg	agcaggcggt	gtgcgtagag	1440
gacccatagc	cagcatgcca	gtgtgccaag	gccacaggga	aagcagtggt	ttggtaaaaa	1500
tccgttaggt	cggcaatatg	ttgtttttct	ggaacttact	tatggtaacc	ttttattttat	1560
tttctaatal	aatgggggag	tttcgtactg	aggtgtaaaag	ggattttatat	ggggacgtag	1620
gccgatttcc	gggtgttgta	ggtttctctt	tttcaggctt	atactcatga	atcttgtctg	1680
aagcttllly	yygcagactg	ccaagtccct	gagaaatagt	agatggcaag	tttgtgggtt	1740
tttttttttt	acacgaattt	gaggaaaacc	aatgaatttt	gatagccaaa	ttgagacaat	1800
ttcagcaaat	ctgtaagcag	tttgtatggt	tagttggggg	aatgaagtat	ttcagttttg	1860
tgaatagatg	acctgttttt	acttctcac	cctgaattog	ttttgtaaat	gtagagtttg	1920
gatgtgtaac	tqaqccgggg	gggagttttc	agtatttttt	tttgtggggg	tgggggcaaa	1980
atatgttttc	agttcttttt	cccttaggtc	tgtctagaat	cctaaaggca	aatgactcaa	2040
ggtgtaacag	aaaacaagaa	aatccaatat	caggataatc	agaccaccac	aggtttacag	2100
tttatagaaa	ctagagcagt	tctcacgttg	aggtctgtgg	aagagatgtc	cattggagaa	2160
atggctggta	gttactcttt	tttcccccca	cccccttaat	cagactttaa	aagtgtctaa	2220
cccccttaac	ltgttatatt	ttacttgaag	catttttggg	tggtcttaac	aggggaagag	2280
gaggtggggg	gagaaaatgt	ttttttctaa	gattttccac	agatgctata	gtactattga	2340
caaaactggg	tagagaagga	gtgtaccgct	gtgctgttgg	cacgaacacc	ttcaggggact	2400
ggagctgctt	ttatccttgg	aagagtattc	ccagttgaag	ctgaaaagta	cagcacagtg	2460
cagcttttgg	tcatactcag	tcactctcag	agaacttcag	aagagcttga	gtaggccaaa	2520
tgttgaagtt	aagttttcca	ataatgtgac	ttcttaaaag	ttttattaaa	ggggaggggc	2580
aaatattggc	aattagttgg	cagtggcctg	ttacggttgg	gatttggtggg	gtgggtttag	2640
gtaattgttt	agtttatgat	tgcagataaa	ctcatgccag	agaacttaaa	gtcttagaat	2700
ggaaaaagta	aagaaatata	aacttccaag	ttggcaagta	actcccaatg	atttagtttt	2760
tttcccccca	gtttgaattg	ggaagctggg	ggaagttaaa	tatgagccac	tgggtgtacc	2820
agtgcattaa	tttgggcaag	gaaagtgtca	taatttgata	ctgtatctgt	tttccttcaa	2880

```

    agtatagagc ttttggggaa ggaaagtatt gaactggggg ttggtctggc ctactgggct2943
    gacattaact acaattatgg gaaatgcaaa agttgtttgg atcaggtag: gtgtggttct3000
    cttttggaat ttttttcagg tgatttaata ataatttaaa actactatag aaactgcaga3060
5   gcaaaggaag tggcttaatg atcctgaagg gatttcttct gatggtagct tttgtattat3120
    caaaccttttt tcagataaca tcttctgagt cataaccagg ctggcagtat gatggcctag3180
    atgcagagaa aacagctcct tggatgaattg ataagtaaag gcagaaaaga ttatatgtca3240
    tacctccatt ggggaataag cataaccctg agattcttac tactgatgag aacattatct3300
    gcatatgccca aaaaatttta agcaaatgaa agctaccaat ttaaagttac ggaatctacc3360
10  attttaaaagt taattgcttg tcaagctata accacaaaaa taatgaattg atgagaaata3420
    caatgaagag gcaatgtcca tctcaaaata ctgcttttac aaaagcagaa taaaagcgaa3480
    aagaaatgaa aatgtttcac tacattaatc ctggaataaa agaagccgaa ataaatgaga3540
    gatgagttgg gatcaagtggt attgaggagg ctgtgctgtg tgccaatggt tcgtttgcct3600
    cagacaggta tctcttcggt atcagaagag ttgcttcatt tcatctggga gcagaaaaca3660
15  gcaggcagct gttaacagat aagtttaact tgcactctga gtattgcatg ttagggataa3720
    gtgcttattt ttaagagctg tggagtctt aaatatcaac catggcactt tctcctgacc3780
    ccttccctag gggatttcag gattgagaaa tttttccatc gagccttttt aaaattgtag3840
    gacttggttc tgtgggcttc agtgatggga tagtacctt cactcagagg ctttgcac3900
    tttaaataat ttcttaaaag cctctaaagt gatcagtgcc ttgatgcaa ctaaggaaat3960
20  ttgttttagca ttgaatctct gaaggctcta tgaaaggaa agcatgatgt gctgttagaa4020
    tcagatgtta ctgctaaaaa ttacatgttg tgatgtaaat tgtgtagaaa accattaaat4080
    cattcaaaat aataaactat ttttattaga gaatgtatac ttttagaaa agctgtctcct4140
    atttaaaata aatagtgttt gtctgtagtt cagtgttggg gcaatcttgg gggggattct4200
    tctctaattc ttcagaaact ttgtctgcga acactcttta atggaccaga tcaggatttg4260
25  agcgggaagaa cgaatgtaac tttaaggcag gaaagacaaa ttttattctt cataaagtga4320
    tgagcatata ataattccag gcacatggca atagaggccc tctaaataag gaataaataa4380
    cctcttagac aggtgggaga ttatgatcag agtaaaagg aattacacat tttatttcca4440
    gaaagtcagg ggtctataaa ttgacagtga ttagagtaat actttttcac atttccaaag4500
    tttgcatgtt aactttaaat gttacaatc ttagagtgtt aggcaatgtt ttacactatt4560
30  gaccttatat agggaaaaa tgag                                     4584

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 120:

35

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 982 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

40

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 120

65

```

    gtggagggga ccctgtggtt agcagcagct atcgagcgt cggtatgttca gagcagcaga 60
    agccggcgtc gtggatgtt gtgttgccc ccaccatgag ctacacaggc tttgtccagg120
    gatctgaaac cactttgcag tcgacatact cggataccag cgctcagccc acctgtgatt180

```

# DE 198 18 620 A 1

atggatatgg	aacttggaa	tctgggacaa	atagaggcta	cgagggtat	ggctatggct	240
atggctatgg	ccaggataac	accaccaact	atggglatgg	catggccact	tcacactctt	300
gggaaatgcc	tagctctgac	acaaatgcaa	acactagtgc	ctcgggtagc	gccagtgccg	360
attccgtttt	atccagaatt	aaccagcgct	tagatatggt	gccgcatttg	gagacagaca	420
tgatgcaagg	aggcgtgtac	ggctcaggtg	gagaaaggta	tgactcttat	gagtcctgcg	480
actcgagggc	cgtcctgagt	gagcgcgacc	tgtaccggtc	aggctatgac	tacagcgagc	540
ttgagcctga	gatggaaatg	gcctatgagg	gccaatacga	tgcttaccgc	gaccagttcc	600
gcatgcgtgg	caacgacacc	ttcgggtccca	gggcacaggg	ctgggcccgg	gatgcccgga	660
gcggccggcc	aatggccgca	ggctatgggc	gcatgtggga	agaccccatg	ggggcccggg	720
gccagtgcac	gtctgggtgc	tctcggcttg	ccctccctct	tctcccagaa	catcatcccc	780
gagtacggca	tgttccaggg	gcatgcgagg	ttggggcgcc	ttcccgggcg	gcttcccgtt	840
ttggttttcg	ggtttgga	tggcatgaag	cagatgaggg	cggactggga	agacggggac	900
cacagccgat	ttgcgaacca	agaagaagaa	gagaaagcag	ggcggcattc	tgattgagcc	960
agttagcaaa	gcagccggaa	tt				982

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 121:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 742 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 121

ctcaacttcg	cacgactgcg	tgctcaagc	cgacgcagcg	gcctactctc	gcactgcaga	60
cggggaact	gagggccgag	gcggccgggg	tggggcagac	ctcccggcga	gcccagagccc	120
ccgcccccg	ctagccccgc	cctggcccgt	aagaagcacc	cggggcgcga	ggcgaaggcg	180
cacagcgcg	ggccaggctg	ggtccagcag	cgcgatggca	gctcagcggc	tgggcaagcg	240
cgtgctgagc	aagctgcagt	ctccatcgcg	ggcccgcggg	ccagggggca	gtcccggggg	300
gctgcagaag	cggcacgcgc	gcgtcacctg	caagtatgac	cggcgggagc	tgacgcggcg	360
gctggacgtg	gagaagtggg	tgcacggggc	cctggaggag	ctgtaccgcg	gcatggaggc	420
agacatgccc	gatgagatca	acattgatga	attgttgagg	ttagagagtg	aagaggagag	480
aagccggaaa	atccaggggac	tcctgaagtc	atgtgggaaa	cctgtcgagg	acttcatcca	540
ggagctgctg	gcaaagcttc	aaggcctcca	caggcagccc	ggcctccgcc	agccaagccc	600
ctcccacgac	ggcagcctca	gccccctcca	ggaccggggc	cggactgctc	adccctgacc	660
ctcttgcact	ctccctgccc	cccggacgcc	gcccagcttg	cttgtgtata	agttgtattt	720
aatggttctg	taacaataaa	aa				742

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 122:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2330 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 122

```

30 gtttggaaca gttgttttaa taggaaatag acctgcgtgc ttcataaggt tcctcaacca 60
   cctttctcca gctttcttaa aatgggatct acattggctc ttcacacca aatagcagac 120
   taatcgtttt tctgcttagc accgtctggg tcattgttct gaactctgcc ttacagcagc 180
   aagaaaaatt tctctgataa gaacctcaat ctttagttcc attgagctcc ccctctggat 240
   tttggactta ccagaagtag gaggttctga taccattcaa gatggctctt ccttcaaaagc 300
35 aggtctgaag aggagactac caaagcagtg ttacaaaacc cagagtccac acaaccatat 360
   tgcatagaac agcacttggc ttccacaagc ctctacagg acctgggtga attggagtga 420
   aagggcagag accttggaag tggaggtggc tgtgtgctgc gatgggaaga aggcagaagg 480
   ccaggggctt ttggacatag agcaggggtg aagctgcaag tactgggaag gaagagagtt 540
   tcacagaaat aaagctllgt cacacagaaa tgagttctgt ctactgggtg acttcatccc 600
40 tcaggctcca gctgagcaga gattttaatc agcttcctta atgggtattg aactgctca 660
   ggaagcagta caccctgtca gggacagcta ttgatctttt gtgttctgat tagattggaa 720
   aatagatcaa ctctattgta gtccaggaac tgttggtcac agctactagg aatgaggtga 780
   tttctgaggc ctgagaaaaa acacagaatc ttggccagca gccagcagct gcatggtgaa 840
   agatgcattc acttctcctt tgagagttgg ggttgagggc aaacatagaa cccagggttg 900
45 gcttacaacc cagtgtcccg gaagccctcc ttccggagaa ctgtaagtaa gaggtgggtg 960
   tgtctaaaga caataccatt aatgaatgtt ctggccttac ctaaaaaggt ttagcaattt 1020
   ggggataact cttggatcta gcttatgtgc gttcacatgc acatttgcta gccagagctt 1080
   tttaaaatga cgtctggcat atacttgatt acaaatgaaa actcagaaac caattttatt 1140
   tattaatatc tatcttttgt tttcccccct cccttctaact ccccaaaagg acctatttga 1200
50 gctgttcccc aattcatctg cttatttttg accatgaatc tgccagagtg atattttctg 1260
   ttattttctc tccaaatttt tcctgatgtt ttccaataaa gatttacttg ggtggccctt 1320
   taaggtgaca tcaggatgct cttatgtctt tccagaataa gcatacactt cactcctctc 1380
   cctttcatct cctctctgat tcttaattcc ttgcttttct cacttggagc cgagggtgct 1440
   ttagagaggt cgttttccat gaatcagcca agattcctgt agaagttggg tatacctatt 1500
55 ccagtttcaa agctcctcgg ctatgctaatt gtccctcag agatgaggtt tgacttttag 1560
   gcccgatgta ctcctccata gcctggccaa ggagaccatg agtagccatg tctggtttac 1620
   tctttatcct cagactgttt gtttatagct taaaacagaa gtgtgtcttc ccagcacaal 1680
   cctaatacat cagtgtatca gtgcattctg tggcaacagc tcagcccatt caaagagcaal 1740
   ggattcagga aaggcacact gatgggtggg agcctcttaa gagcctctaa tgttctccca 1800
60 aaaccagagt tgagagtggg agtgccagtc gtcggggccc actatttctg aataagggac 1860
   atgcaagggc cagaagtagc ttgactctcg cctaaatata tgtgcctttg cctgtccttt 1920
   ctcccactct actgaaaccc ggaacagatt cccgcttgcc ttctgatgaa gagaggttag 1980
   gtaaagagag tttggaggaa aaaagacacc aggaggcagg ctgtggggta ggagagggtt 2040
   ctgagaggag ccagcaatcc agaatacctc cttttctagc cagcatccct tgaacttttg 2100

```



# DE 198 18 620 A 1

aaaggttggtg cctaccactg gctggcacac cagggcaatg atttccctgg agaggaagg2160  
aaagaatggtt ttcacccttg cacccttctt gggagagct accagcctgt tgcttcagtt2220  
tgagttggtt tcacattcag gattttgggg ttttatgggt tttccttctt ccctgtgttt2280  
tgccccgaac gttgatcaac aggggtgaaa aaggggcacc tgagggtttc 2330

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123:

10

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1860 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

30

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 123

gaggcagttt gagatcacca gcatttccgt ggatgtcttg cacatcctgg aattcgacta 60  
tagcaggctc cccaaacaaa gcatcgggca gttccatgag ggggatgcct atgtggtcaa 120  
gtggaagtgc atggtgagca cggcagtggt aagtcgccag aaggagagac actcgttgag 180  
ggcagccggc aaagagaagt gcgtctactt cttctggcaa ggccggcact ccaccgtgag 240  
tgagaagggtc acgtcggcgc tgatgacggg ggagctggac gaggaagggt gggcccaggt 300  
ccaggttctc cagggaaagg agccccctg tttcctgcag tgtttccagg ggggatggt 360  
ggtgcactcg gggaggcggg aagaggaaga agaaaatgtg caaagtgagt ggcgctgta 420  
ctgcgtgcgt ggagaggtgc ccgtggaagg gaatttgctg gaagtggcct gtcactgtag 480  
cagcctgagg tccagaactt ccatggtggt gcttaacgtc aacaaggccc tcatctacct 540  
gtggcacgga tgcaaagccc aggccacacac gaaggaggtc ggaaggaccg ctgcgaacaa 600  
gatcaaggaa caatgtcccc tggaagcagg actgcatagt agcagcaaag tcacaataca 660  
cgagtgtgat gaaggctccg agccactcgg attctgggat gccttaggaa ggagagacag 720  
gaaagcctac gattgcatgc ttcaagatcc tggaaagttt aacttcgcgc cccgcctggt 780  
catcctcagc agtccctctg gggattttgc agccacagag tttgtgtacc ctgcccagac 840  
cccctctgtg gtcagttcca tgcccttctt gcaggaagt ctgtacagcg cgccccagcc 900  
agcacttttc cttgttgaca atcaccacga ggtgtacctc tggcaaggct ggtggccat 960  
cgagaacaag atcactggtt ccgcccgcac ccgctgggac tccgaccgga agagtgcgat1020  
ggagactgtg ctccagtact gcaaaggaaa aaatctcaag aaaccagccc ccaagtctta1080  
ccttatccac gctggtcttg agcccctgac attcaccaat atgtttccca gctgggagca1140  
cagagaggac atcgctgaga tcacagagat ggacacggaa gtttccaatc agatcaccct1200  
cgtggaagac gtcttagcca agctctgtaa accatttac ccgctggccg acctcctggc1260  
caggccactc ccggaggggt cgatcctctg aagcttgaga tctatctcac cgacgaagac1320  
ttcgagtttg cactagacat gacgagggat gaatacaacg ccctgcccgc ctggaagcag1380  
gtgaacctga agaaagcaaa aggcctgttc tgagtgggga gacgccagag gaggctcacg1440  
gtcacgtcca acaacaccac tgcaccaggg aaatggatat atatttttgg actggtgttt1500  
ttcacaaagt atttttcaat cagagttttc agaacctgac attgttaaag atactgcttg1560  
tcccggagtt gtgtattttg taaatgttca agggaactgt ttggaaactt ctttccacca1620

65

# DE 198 18 620 A 1

ttcaggaggt tatcagaatt aataaaagta tctgtatgt gcacttaagc cytagctgct1680  
 atagatagca ctgccttctt gttccagcta ggcaacgcct tttrctttt tttgaagcag1740  
 ttctctttat aaagtgttat tttgatagtt tgtggattct aaaataccat ataagtcaaa1800  
 5 tatggattta acaaagcaat atgtattcat tcactttcga gatttggggg gttgtttttt1860

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 807 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 124

cctttctctca tctctatttaa attgtaaaca ggactactgc atgtactctc tttgaggtga 60  
 atttggaatg gaaggccagg gactatactc tttttaaaat agacatttgt ggggctcaca120  
 caatatatga aatagtaccc tctaaaaaag agaaaaaaa aatcaggcgg tcaaacttag180  
 agcaacattg tcttatttaa gcatagttta tttcactaga aaaaatttaa tatcaaggac240  
 tattacatac ttcattacta ggaagttctt tttaaaatga cacttaaaac aatcactgaa300  
 aacttgatcc acatcacacc ctgtttattt tccttaaaca tcttggaagc ctaagcttct360  
 45 gagaatcatg tggcaagtgt gatgggcagt aaaataccag agaagatgtt tagtagcaat420  
 taaaggctgt ttgcaccttt aaggaccagc tgggctgtag tgattcctgg ggccagagtg480  
 gcattatgtt tttacaaaat aatgacatat gtcacatgtt tgcatgtttg tttgcttgtt540  
 gaatttttga acagccagtt gaccaatcat agaaagtatt actttctttc atatggtttt600  
 tggttcactg gcttaagagg tttctcagaa tatctatggc cacagcagca taccagttt660  
 50 ccatccta at agggaatgga aattaatttt gtaacctact gattaacaga atctgggggt720  
 cacattggaa aaaaattctt ttatccgtct ttttaaggata tgtttaaata ttattttatg780  
 tgtcggcata ttgcggacag tctgaga 807

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 125:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1932 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

# DE 198 18 620 A 1

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 125

```
ccgggggtttt gggctggaac tgcagcgctt agagagctcg gtggaagctg ctaaaggcgg 60
aggcgggggct ctggcgagtt ctcttccac cttccccac cttctctgc caaccgctgt 120
ttcagccctt agctggattc cagccattgc tgcagctgct ccacagccct tttcaggacc 180
caaacaaccg cagccgctgt tcccaggatg gtgatccgtg tatatattgc atcttctct 240
ggctctacag cgattaagaa gaaacaacaa gatgtgcttg gtttcctaga agccaacaaa 300
ataggatttg aagaaaaaga tattgcagcc aatgaagaga atcggaagt gatgagagaa 360
aatgtacctg aaaatagtcg accagccaca ggttaccccc tgccacctca gattttcaat 420
gaaagccagt atcgcgggga ctatgatgcc ttctttgaag ccagagaaaa taatgcagt 480
tatgccttct taggcttgac agccccacct ggttcaaagg aagcagaagt gcaagcaaag 540
cagcaagcat gaaccttaag cactgtgctt taagcatcct gaaaaatgag tctccattgc 600
ttttataaaa tagcagaatt agctttgctt caaaagaaat aggcttaatg ttgaaataat 660
agattagttg ggttttcaca tgcaaacatt caaaatgaat acaaaattaa aatttgaaca 720
ttatgggtgat tatggtgagg agaatgggat attaacataa aattatatta ataagtagat 780
atcgtagaaa tagtggtgtt acctgccaag ccattcctgt tacaccaatg attttcaaaa 840
gaaaacaccc ttccctcctt ctgccattac tatggcaact taagtgtatc tgcagctcta 900
cattaaaaag gagaaagaga aataacctgt ctctcattcc taagttgcct cattaatatt 960
catgaacaag aatatgtacc tttttgatgc tatattactg cgattaaaaa gttcttgag 1020
gtaatgttta tgatatgtta aacgttgtaa tttcttatcg taattataac attcccattc 1080
ttttgtagat gaaacttcta catattgaac cacagatttt ctgagcttct aaatgtagcc 1140
tttcattgca catttcagtg atcagaatag atatcctttt acacgcacaa aagcaataga 1200
ttcattcagt ggacaagttc cttgtttaac tacacagcta tgatggaatg atatatccaa 1260
gttccttgcc tcagtgaat atgcatatgt atatcatgaa agtgggatgc caagtaagct 1320
taaaatggca ttctctagca aagagattag acttttaaat aactcttata aaacaggttg 1380
gcgatcattt cccaagattg gtttcccttg agtttttgct aaaacaaatc ttagtagttt 1440
tgcccgttta aaacaactca caatcgtaaa tgctactatt cctaagatat cttacctttt 1500
tatttcagtt tagccatgta ttgtatgagt gtattagtct aagcagtgag aatcttttct 1560
atgcctctat tccagcaaaa agtagaagta tcaaatataa agggcaactt ttaaaatatt 1620
aagcctgaag acttctaaaa agacaagaaa catggcctaa ataaccaaca tagatttaca 1680
tagtaagttt cacactacct tattaccaaa agcaaacacc tcttacttta aactacatt 1740
tcatgtatat ctattgtatg ctgggtcttta ctttttgcca aaatcaacat ataatgaag 1800
gatgcctttg tttcatgaga ttcaaacttg atgctatgct ttaaaataaa ctcagtactt 1860
ttagaaacat aaaaaaaaaa aaaaaaaggc gacccccga gtagtgggcc cgcgcccggg 1920
gatttttccg gg 1932
```

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3024 Basenpaare

60

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ES1s durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 126

```

atatatgtta agacattccc ttgctaatta ttttcttctc tgttggttcta tttttttggt 60
ccagtttgct gtttttaaaag ttttgagtc cagctggtcc tgtacattta actgaaaaaa 120
aagtaactta aaataatata aaaatagcac tcatgtatgt cctacagtta taggtgaaat 180
ttgatattgt ttgtcttaca tagcatacct atagacagct taagtaaagt gactgttaag 240
agggttatgc ttattgatga actctttagt ttgtttacca gctctgttag tatagttaaa 300
ttgatctcag tagcttcaag tatttataaa atggttgaag tccaaatata tgtgataatt 360
acaatacact ttgaaltaat ggggggtggg aggctagtgt aaatgcattt tatttaccga 420
aggagtatgt taaaatgata gttataaatg ttggaagttt aaagcaagat actcagttta 480
gttctttaca aatcataaga agaacaaaat tagatgttga cattgctatt ttaggctgtg 540
tgttttccat atgcttcttg ctttccctgt cacaggtggt ggcagcaata ttggtgtgat 600
tgaggttatg ctggcaccac tcgcacacag gcgcacaatg gtgtagctg ggcagaaaga 660
ttggcatctc ttggtaccgg gctgggggag acctttacca taggatgaag taaccttgca 720
ttcggtcgca aggtgtactg tacgtacaca ggtgctggtc gatgtccact ttctgctttt 780
ctttctttct tttttctttt tttaaagtaa tttccccac agtaaaatac actgactcct 840
gagtaaatgt attttccagt tttatggaat tgggagtctg acaagtgaag ccaatttaat 900
gtaaaagtatt tggctttcaa atggttcttc tgtgctattt tttggaattc tttcagattc 960
cagagatata ttacgtcttt gattcaattt aaaatttgta cttattttct tttagaaata1020
atgtattgtg tctgtgcaga aaaaaaaa ccaaaaagga ttgctttact ccaagaggag1080
agattgtctt aggataaacc tccaagctca catttaatat aacagactga agtaaacatt1140
agaatcctgt ttagagctat tctgcacagt taactactga tctttagaat ctaaaattgt1200
atatgaactt attcttaaat aattgaaccg ttttataatc aaatgactta tgatcgtgg1260
tagtttgga aaaataagat ggttaaatat tgatttattg aaatgtaatt gtattatttt1320
cataaaatag cattttcatt ttgtaattgt gtttaacatc cttgttggtt gccaaagaa1380
tttcatttgg ctgtgaatat tctatttgc tgcagtatct gtttctcttc ctaggctca1440
gttggtgacc caagcctatt gtaaacaaat gattatctca aaggagatg ccaatggagt1500
aacaatttgt taaccttacg tttctgtct gtatatttt ttaaaaatc ggtagtttct1560
ggaaaaaaaa gagaaggggg tttgtagtac ttaacctat ttatttccgt atattttagt1620
taattagttt ttggaataaa tggatttcag tatagctttg tggttaaatt gcattgcctt1680
tattttatgt ttaggcttat ttttaatta acatttaaca gaaacatttg aaatagaatt1740
tgcatgtctg ccttaattaa cttaaagact gattttaatc tgactatgac actgagcata1800
ttcttttaaa tactcataat ttataatgct taatataatc ttaattaaat ttagcagttt1860
tagtataaga tgtgccattt tgtcctctgt atgtctgaat gaagctataa catttgcctt1920
tttattgcag gttttccttt ggaatatgga taaatacacc atgatacgga aactagaagg1980
acatcaccat gatgtggtag cttgtgactt ttctcctgat ggagcattac tggctactgc2040
atcttatgat actcgagtat atatctggga tccacataat ggagacattc tgatggaatt2100
tgggcacctg tttccccac ctactccaat atttgcctgga ggagcaaatg accggtgggt2160
acgatctgta tcttttagcc atgatggact gcatgttgca agccttgctg atgataaaat2220
ggtgaggttc tggagaattg atgaggatta tccagtgcag gttgcacctt tgagcaatgg2280
tctttgctgt gccttctcta ctgatggcag tgttttagct gctgggacac atgacggaag2340
tgtgtatttt tgggccaact cacggcaggt ccctagcctg caacatttat gtcgcatgtc2400
aatccgaaga gtgatgccca ccaagaagt tcaggagctg ccgattcctt ccaagctttt2460
ggagttttctc tcgtatcgta tttagaagat tctgccttcc ctagttagtag ggactgacag2520
aatacactta acacaaacct caagctttac tgacttcaat tatctgtttt taaagacgta2580
gaagatttat ttaatttgat atgttcttgt actgcatttt gatcagttga gcttttaaaa2640

```

# DE 198 18 620 A 1

tattatttat agacaataga agtattttctg aacatatcaa atataaattt ttttaaagat2700  
 ctaactgtga aaacatacat acctgtacat alltagaiaa aagctgctat atgtiyaaig2760  
 gacccttttg cttttctgat ttttagttct gacatgtata tattgcttca gtagagccac2820  
 aatatgtatc tttgctgtaa agtgcaagga aattttaaat tctgggacac tgagtttagat2880  
 ggtaaatact gacttacgaa agttgaattg ggtgaggcgg gcaaatacacc tgaggtcagc2940  
 agtttgagac tagcctggca aacatgatga aacctgtct ctactaaaaa taaaaaagaa3000  
 aaaaaaaaaa aactcgaac tact 3024

5

10

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 127:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

15

- (A) LÄNGE: 505 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

30

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

35

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 127

40

ctgcacgggc gcagatgtag gcaccggctc gaggcctgc cctctgtccc cgcggctggg 60  
 tctcgtctgc tccggttccct gggctcctaa ttcttggtcc agcttcttcc aggtctgcgc120  
 gtctgttgtt cccagcgctc tgcgaagctg aaaaggagga gcaacctgtc cagaatcccc180  
 gcaggacagg aaaaggagg gaaatctcga catggaaaaa ctctacagtg aaaatgaagg240  
 aatggcttca aaccaaggaa agatggaaaa tgaagaacag ccacaagacg agagaaagcc300  
 agaagtaact tgtactctgg aagacaagaa gttagaaaac gagggaaaga cagaaaacaa360  
 gggcaaaaca ggagatgagg aaatgtttaa ggataaagga aagccagaga gtgagggaga420  
 ggcaaaagaa ggaaagtcag agaggagggg agagtcagag atggaggagg tcgagagaga480  
 gggaaaccga ggtaggggaa gcgga 505

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128:

- (A) LÄNGE: 115 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

# DE 198 18 620 A 1

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 128:

PLLRLFFFY LRKFISTSTA EIRKWYRFGQ IILYEMDPHT TSFLIQARYN IIPGFSKSSQ 60  
HGYLCYSVLA FIAASSFRRA FFSKFKLVKV SCLWAAFLPS ITMKMHPTTV RAIIR 115

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 129

(A) LÄNGE: 82 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 129

VRDGAPGLSC GFVQNPFILF KSELLVSLRD EETSLSHNLK QLPAARRRPL RLPATCYSA60  
DQRTSPGTV ALVSSMSPSV GV 82

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 130

(A) LÄNGE: 157 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 130

QVAMGSLSGL RLAAGSCFRL CERDVSSSLR LTRSSDLKRI NGFCTKPQES PGAPSRITYNR 60  
VPLHKPTDQW KKILIWSGRF KKEDEIPETV SLEMLDAKN KMRVKISYLM IALTUVGCIF120  
MVIEGKKAQ RHETLTSLNL EKKARLKEEA AMKAKTE 157

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

- (A) LÄNGE: 53 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 131:

20

GIITLSLLMI IHPQMEEFIR QPLQFRLKTG AHRTQGTIKE DQEPRFFLSK NWP

53

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:

- (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 132:

LFILRWRSLS VSHFSFVLKQ EPTGPKELLR RTRNLGFFFQ KIGPSPINEG KN

52

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:

- (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

55

(iii) HYPOTHETISCH: ja

60

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 133:

KKKPRFLVLL NSSLGPVWSC FKTKLKWLTQ KLLHLRMNNH Q

41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 134:

- (A) LÄNGE: 107 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 134:

ADPAFSTDLF QGCTDMAAAF RKAASRQRE HRERSSDYRK KQEYLKALRK KALEKNPDEF 60  
YYKMTRVKLQ GGVHIIKETK EEVTPEQLKL MRTSGRQIYR KGRGCRS 107

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:

- (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 135:

RIRRSPLIFS KAVQTWRRLF GRLSPGSGN TESEAVTTVK NKNTSKLFGR RLLKKIQMNS60  
TTK 63

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136:

- (A) LÄNGE: 87 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear



(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	5
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	10
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 136:	
LFWGYFFLSL LNNMYSTLEF NPSHFVVEFI WIFFKSLLPK SFEVFLFFT V TASLSVFPL60 PGLSRLPKSR RHVCTALEKI SGERRIR 87	15
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:	
(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren	20
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	25
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	30
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	35
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 137:	
EANNYMSCQG GSRFHSFSIL PQYPGINAAT GGQSLFVLLP TPSLFCLFNS VKLFCLGPGK60 EPKENLSGQV HFWNAENILK ARFLEYSQLA FFPLI 95	40
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 138:	
(A) LÄNGE: 77 Aminosäuren	45
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	50
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	55
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	60
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 138:	65

# DE 198 18 620 A 1

NSSASSPQFW PNSRLAVFTW YPGVGLLTLI SMMFSKMKLD KVDHQLHRVF CKSIYSKWPR60  
DLRKIQIFCL PWSCFKS 77

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 139:

- (A) LÄNGE: 133 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 139:

DLKQDQGGKQK ICIFLKSGLH LLTILLQKTR CSWWSTLSSF ILENIEIKV SNPTPGYQVK 60  
TASLLLGQNC GLLAEIFYGL QSKWSYLTHH MTKVLNLVRG KVLNIQFWIQ EIIIVNFPFK120  
SMERMLVENI LKI 133

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 140:

- (A) LÄNGE: 142 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 140:

RADQRQGKTT QKQELKTSR HQGQLNEDKL KGKLRSLNQ LYTCTQKYSF WGMKKVLLEM 60  
EDQKNSYEQK AKESLQKVLE EKMNAEQQLQ STQKSLALAE QKCEEWRSQY EALKEDWRTL120  
GTQHRELESQ LHVLSQSKLQ SR 142

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 141:

- (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 141:

VPAICSPAVW TEARGVGSPA PCAGSQGSSS PPSEPHTGSS TLHTSALPGP GIAVCSVVAA 60  
LHSFSPFALS AVTPWPSAHS CFSGLPSPVV LFSFPKGSIS GYRCIAGFLR ISVSPSVCLH120

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 142:

(A) LÄNGE: 97 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 142:

SCRPWVPHLQ EELSLPKAIN LGLKFLGAHF PKIEGPGFIC KSLLSAPLQF GLKHVELALQ60  
LPVLGPKGPP VLLQSLILAP PLFTLLLCQG QGSLCAL 97

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 143:

(A) LÄNGE: 783 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 143:

65

# DE 198 18 620 A 1

FLLQPSAFHL YEPPLDYTMT WRMGPRFTML LAMWLVCGSE PHPHATIRGS HGGRKVPHVS 60  
 PDSSRPARFL RHTGRSRGIE RSTLEEPNLQ PLQRRRSVTY LRLARPIEPP ARSDINGAAV120  
 RPEQRPAARG SPREMIRDEG SSARSRLRF PSGSSSPNIL ASFAGKNRVW VISAPHASEG180  
 5 YYRLMMSLLK DDVYCELAER HIQQIVLFHQ AGEEGGKVR ITSEGOILEQ PLDPSLIPKL240  
 MSFLKLEKKG FGMVLLKKTLL QVEERYYPV RLEAMYEVID QGPRIIRIEKI RQKGFVQCK300  
 ASGVEGQVVA EGNDGGGGAG RPSLGSEKKK EDPRRAQVPP TRESRVKVL KLAATAPALP360  
 QPPSTPRATT LPPAPATTVT RSTSRVTV ARPMTTTAF TTQRPWTPSP SHRPPTTTEV420  
 ITARRPSVSE NLYPPSRKDQ HRERPQTTRR PSKATSLESE TNAPPTTISE PSTRAAGPGR480  
 10 FRDNRMDRRE HGHRDPNVVP GPPKPAKEKP PKKKAQDKIL SNEYEEKYDL SRPTASQLED540  
 ELQVGNVPLK KAKESKKHEK LEKPEKEKKK KMKNNADKL LKSEKQMKKS EKKSKEKEK600  
 SKKKKGKTE QDGYQKPTNK HFTQSPKKS ADLLGSFEGK RRLLLITAPK AENNMYVQQR660  
 DEYLESFCKM ATRKISVITI FGPVNNSTMK IDHFQLDNEK PMRVVDEDL VDQRLISELR720  
 15 KEYGMTYNDF FMVLTDVDLR VKQYEVPIIT MKSVFDLIDT FQSRIDMEN QKRGVFEFEGG780  
 KTP 783

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 144:

- 20 (A) LÄNGE: 87 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 (A) ORGANISMUS: MENSCH.

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 144:

40 KMOVGVVWFL RWERMCENLF QNGFAAEVR MCSCIDLQTP RRWVHTACLG VPRDSRPPTY60  
 LSEARAAGHG PSAKPVCDAI GALVQEA 87

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

- 45 (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

55 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

60 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 145:

65 SFSSSLGVRNT LFITFKFALY FFSSMLVLWT FGDVSVRAGE RGVRRPSHRW SWPPPALSSL60  
 PDHRFPICPS ENLSQGELKF TGQGTSTFIYF IMLANRT 97

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 146:

- (A) LÄNGE: 87 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 146:

ASCTKAPRAS HTGLAEGPWP AARASDKYVG GLESLGTPKH AVCTHLLGVC RSIQEHILTS60  
AANFPWKRF SHILSHLKKT HTPPTIF 87

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 147:

- (A) LÄNGE: 119 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 147:

NSKDKCFSLA FITTPETERW RCCASEPRLL ALKHQGHRTQ AWQRGHGQRH ELQTSMLEVS 60  
NPLAPPSMQC APTFWVSADR YRNTSLPLQR THFPGKDFHT SSPTSKKPTH PQPFFKAPR 119

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148:

- (A) LÄNGE: 87 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 148:

STKGIAHRLG RGAMASGTSF RQVCWRSRIP WHPQACSVHP PSGCLQIDTG THPYLCSEPI60  
SLEKIFTHPL PPQKNPHTHN HFLKPHG 87

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149:

(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 149:

DPPSHSQLGR CCHRMVFESV GARAHFWLSQ QLGWHLLPSA RNSNIMNARD SVLSKVFHHPK60  
GAGHGCSRL 69

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 150:

(A) LÄNGE: 68 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 150:

SAHLGLPKCW DYRREHPCPA PFGWKTLLST LSLAFIMLLF LALGSKCHPS CCDNQKCALA60  
PTLSNTIR 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 151:

# DE 198 18 620 A 1

- (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 151:

20

HHTQPIFVFL VATGFHHVGQ AGLEPLTSGD PPTLASQSAG ITGVSTRALP LLDGRLY 57

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 152:

25

- (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 152:

45

SAGIPKLAPK IPLPFSDLLK CYLISGAFFD HTLKTSTPTH GPCPPSRLHF LAYTYQM 57

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 153:

- (A) LÄNGE: 32 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

55

(iii) HYPOTHETISCH: ja

60

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

65

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 153:

LKTLTVASI RVSTFYSSDP TSFNLLLLLIY GG

32

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 154:

(A) LÄNGE: 32 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 154:

TKRAVMKSMH LCAIRAF LVP HSELIDSDYI HF

32

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 155:

(A) LÄNGE: 31 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 155:

GRVRAVKGRH SDRSHSQQCF QSVNTDEVPT T

31

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 156:

(A) LÄNGE: 52 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear



(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		
(iii) HYPOTHETISCH: ja		5
(vi) HERKUNFT:		
(A) ORGANISMUS: MENSCH		10
:		
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 156:		
VQNVMSACNF IFIKAKLIYM EYCSIYYAPI YILSPVVRYP ISLLLNIFYT YL	52	15
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 157:		
(A) LÄNGE: 59 Aminosäuren		20
(B) TYP: Protein		
(C) STRANG: einzel		
(D) TOPOLOGIE: linear		25
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		
(iii) HYPOTHETISCH: ja		30
(vi) HERKUNFT:		
(A) ORGANISMUS: MENSCH		35
:		
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 157:		
TGTFCCFFICC IENSHTQFSI LCQCSHHGWT LGRNSQPFL VSFSQFFSVS RWAPVINLP 59		40
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 158:		
(A) LÄNGE: 38 Aminosäuren		45
(B) TYP: Protein		
(C) STRANG: einzel		
(D) TOPOLOGIE: linear		50
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		
(iii) HYPOTHETISCH: ja		55
(vi) HERKUNFT:		
(A) ORGANISMUS: MENSCH		60
:		
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 158:		
LSLCPCWPGN FFQWCLLEEV FSSGQFKEIK LGNGEGGR	38	65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 159:

- (A) LÄNGE: 33 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 159:

GSILDMMQEI SSWSQKFPRG AVFLRNGVYL NNS

33

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 160:

- (A) LÄNGE: 44 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 160:

KKLPGQHG HK LNYLNLK LHF LKIQHLLGTF DSRKRFPASY PKCF

44

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 161:

- (A) LÄNGE: 225 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

# DE 198 18 620 A 1

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 161:

5

AAGGLGLGVG PRGMWRAGSM SAELGVGCAL RAVNERVQQA VARRPRDLPA IQPRLVAVSK 60  
TKPADMVIEA YGHGQRTFGE NYVQELLEKA SNPKILSLCP EIKWHFIGHL QKQNVNKLMA120  
VPNLFMLETV DSVKLADKVN SSWQRKGSPE RLKVMVQINT SGEESKHGLP PSETIAIVEH180  
INAKCPNLEF VGLMTIGSFG HDLSQGNPD FQLLLSLPEE TVVKS 225

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 162:

(A) LÄNGE: 99 Aminosäuren

15

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 162:

CRGPGARRRS PGDVESWQHV GRAGSRVRIA GGERARAAGC GAAAAGSPSH PAPASGGQQN60  
QTCRHGDRGL WTWAAHFWRE LRS GTARKSI KSQNSVFVS 99

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 163:

(A) LÄNGE: 120 Aminosäuren

40

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 163:

LRSCP KLP MV ISPTNSRLGH LAFMCSTMAM VSEGGRPCLL SSPLVLIWTI TFNLSGEPFL 60  
CQELFTLSAN FTESTVSSMK RLGTAINLLT FCFCRWPMKC HLISGHKDRI LGFDAFSSSS120

60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 164:

(A) LÄNGE: 75 Aminosäuren

65

- (B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 164:

TSTGPSSPLV ASAATELAAF AAAFSSACMR PEGSASLFWN RLPLLMFGDL QGCEAREGIA60  
MRILQASFSG LSSKG 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 165:

- (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 165:

NTHGDALTCL TPLQVPKHEE GKAIPKQRGR TFRAHTCRAK GSGKSCQFSC SRGYQGAGGT60  
SAGLALYLHT RTAASRGTS SPVGSVAPQQ 90

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 166:

- (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 166:

SHPFEDSPEK EACKIRMAMP SRASHPCRSP NMRRGRRFQN REAEPSGRIH AELKAAAKAA60  
SSVAEATRG LEGPVLV 77

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 167:

- (A) LÄNGE: 347 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

20

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 167:

TAFPLPVVVA AVLWGAAPTR GLIRATSDHN ASMDFADLPA LFGATLSQEG LQGFLVEAHP 60  
DNACSPIAPP PPAPVNGSVF IALLRRFDCN FDLKVLNAQK AGYGAADVHN VNSNELLNMV120  
WNSEEIQQQI WIPSVFIGER SSEYLRLALFV YEKGARVLLV PDNTFPLGYY LIPFTGIVGL180  
LVLAMGAVMI ARCIQHRKRL QRNRLTKEQL KQIPTHDYQK GDQYDVCAIC LDEYEDGDKL240  
RVLPCHAYH SRCVDPWLTQ TRKTCPIKQ PVHRGPGDED QEEETQGQEE GDEGEPRDHP300  
ASERTPLLGS SPTLPTSFGS LAPAPLVFPG PSTDPPLSPP SSPVILV 347

35

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 168:

- (A) LÄNGE: 588 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

50

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 168:

55

QVTNMSDKSE LKAELERKKQ RLAQIREKK RKEEERKKKE TDQKKEAVAP VQEEEDLEKK 60  
RREAELLSQ MGLTPESPIV PPPMSPSSKS VSTPSEAGSQ DSGDGAVGSR RGPIKLGMAK120  
ITQVDFPPRE IVTYTKETQT PVMAQPKED EEDDDVVAPK PPIEPEEKT LKKDEENDSK180  
APPHELTEEE KQQILHSEEF LSFFDHSTRI VERALSEQIN IFFOYSGRDL EDKEGEIQAG240  
AKLSLNRQFF DERWSKRVV SCLDWSSQYP ELLVASYNIN EDAPHEPDGV ALVWNMKEYKK300  
TTPEYVFHCQ SAVMSATFAK FHPNLVGGT YSGQIVLWDN RSNKRTPVQR TPLSAAATH360  
PVYCVNVVGT QNAHNLISIS TDGKICWSL DMLSHPDQSM ELVHKQSKAV AVTSMSPVVG420

65

# DE 198 18 620 A 1

DVNNFVVGSE EGSVYTACRH GSKAGISEMF EGHQGFIT3I HCHAAVGAVC FSHLEVTSSF480  
DWTVKLWTTK NNNKPLYSFED NADYVYDVMW SPTHPLALFAC VLGMRGLDLW NLNNDTEVPT54C  
ASISVEGNPA LNRVRWTHSG RGGGCGGILK DKFCYFAMLG GAVCWSPQ 588

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 169:

- (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 169:

FHVEQLSHSF LSWRKDTIQR GSKDFVKRGI HNLLWSKCPH L

41

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 170:

- (A) LÄNGE: 55 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 170:

CPRDVGTCSE VNYGCHVLQN PYCPFELCPS SKIRSYDSIV QHGIIMKSLS SSIFP

55

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 171:

- (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 171:

KAFLVLSFPK WALFLVIHMT LFGCGCLLNF LFWTSFSKPK PARDRKGNGN

50

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 172:

(A) LÄNGE: 60 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 172:

CTFNIESFIY LIVYRTFHHY THLLHNILTS IFKFFCTSSF SFNLVKPVIH TNVYCESEG60

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 173:

35

(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 173:

55

EESFVFLIHS FVNRYKGTNV LTYTKKKKIL VYPLMLIHRV LSYNVIQLGS LTFFPKNIFI60  
EKGITLS 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 174:

60

(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren

65

(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 174:

LYHIIRKHSV DQHKWVHKNF FFLGVCKHIC SFISVYKTVN QKDKTFFLVF VIFFLN 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 175:

(A) LÄNGE: 57 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 175:

IHWSPSYRL GPRSHRPGIQ TQRGQSIKVA VGSSNHCFYS RSLKIIIVYL LSITLGK 57

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 176:

(A) LÄNGE: 54 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH



# DE 198 18 620 A 1

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 176:

GEFTGVGPAT GWVPGHTARG FRLKGASPSR WQWGLQTTVS IPEAYLKSLY ICFP 54

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 177:

(A) LÄNGE: 45 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 177:

VNSLELAQLP VGSQVTPPGD SDSKGPVHQG GSGVFKPLFL FQKPT 45

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 178:

(A) LÄNGE: 43 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 178:

YLKLVPM LGG QLFSMVLIRR SFFILSFKEI KVEIEYGWHV VPV 43

55

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 179:

(A) LÄNGE: 33 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 179:

GSILDMMQEM CYGGQKFPRG PVFLRNGIYL NNI

33

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 180:

(A) LÄNGE: 74 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 180:

TGTTCHPYEI STFISLNDKM KKLLLISTIE KSCPPNMGTS FKYYLNKFHF LKIQDLLGTF60  
DPRNTPASY PKCF 74

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 181:

(A) LÄNGE: 289 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 181:

SRRTQGAAS RFPQPDITIGQ DFSASAQRGG LVAHSDLER AIEALKEFNE DGALAVLQQF 60  
KSDSLSHVQN KSAFLCGVMK TYRQREKQGT KVADSSKGPD EAKIKALLER TGYTLDVTTG120

## DE 198 18 620 A 1

QRKYGGPPPD SVYSGQQPSV GTEIFVGKIP RDLFEDELVP LFFKAGPIWD LRLMMDPLTC190  
LNRGYAFVTF CTKEAAQEAV KLYNNHEIRS GKHIGVCISV ANNPLFWGSI PKSKTKEQIL240  
EEFSKVTEGL TDVILYHQP DKKKNRGFCF LEYEDHKTA QARRRLIEW 289

### (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 182:

- (A) LÄNGE: 39 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 182:

KLCTEWLKV G IWRWMRGSC LGRLCFTWIR VGLREEIGV

39

### (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 183:

- (A) LÄNGE: 42 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 183:

EAVMTLILIL HTYFLTQPYS NPSEAKPSQT APSHPSPYPP NL

42

### (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 184:

- (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 184:

PSFSFYTPIS SRNPTLIQVK QSLPRQLPLI HLHIPPTFNH SVHNFYSLHT SYLLIFLTNK60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 185:

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 185:

QQHHLPPQSLG FLNKKEIVFL TWLLRLLKLA LPLKYDISFA VLNLKLVASS VPHFQFLYQA60  
SLLSFPIRMD TFCSACHFCN ASCREFGHSI KEKIQ 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 186:

(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 186:

HAEQNVSIILM GKLRRLAWYR NWKCGTDEAT NFKFRTAKLM SYFKGRANFN NLNNQVKNTI60  
SFLLRNPND 69

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 187:

# DE 198 18 620 A 1

- (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 187:

20

GTKSRYVMLW DLLPEDDIRQ LIGKESALLQ EQANHKWVVS GGRPVGFAFG YCYLGAHSKC60  
SGVWDSPKGF FRHLTNS 77

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 188:

25

- (A) LÄNGE: 46 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 188:

45

RSRFHMMLTL RALQLSLPTK IGGACFRVSR LSPTEKKKKK MSLEEA

46

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 189:

50

- (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

65

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 189:

ITFSHDAHAQ GASIIPPHKD RWRVFQGLSS LSYRKEKEKN VIRRGVTRQS VPRFVFPGVA60  
ERDQF 65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 190:

- (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 190:

ECREAGPLFL QSRLELISFG HSRKHKPGDG LTCYASSNDI FFFFFSVGER RETLKHAPPI60  
FVGRDN 66

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 191:

- (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 191:

RQTEGETEML RKPSYTTLP NTSLECKKY YWRWKSRTA MGRPRGD 48

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 192:

- (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 192:

RAETRSQGQL NEDKLKGKLR CLESPAIQLY PEILPLGNVK STTGDGRAEK QLWAEGQGV160

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 193:

(A) LÄNGE: 44 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 193:

SCIAGLSKHL SFPFSLSSLS CPWLRVSALQ LLPLRAFPFA SDLL

44

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 194:

(A) LÄNGE: 98 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 194:

65

# DE 198 18 620 A 1

EIMNGLVLDN IWPBKLLTSV LGESHFVNHT SEIYMMMLNGE QRPSCCKRCI KYLCFCMRLGO  
RSFSLSPFLF PIRISREAKL FCGFGNGHFP GKCIWIDD 98

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 195:

- (A) LÄNGE: 115 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 195:

AHSSTKAKSK SEFLPILPLC NTLRSSHNCP TPLPVSCCT KPSLSSEFRY IVRQRRALR 60  
RRAFEALSTL PASVKMRLHY SPEKRARFSH RSRCIFPGND HSQTHRTVWL LWISL 115

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 196:

- (A) LÄNGE: 128 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 196:

SGVKRISCVL ETKAYCHCFK KSLCEMKKNM TNTGSHTYTY IQRNLTCTH TGRYRHTVPP 60  
KRSPNQSSYR FYHSVILSEV PTTAQLHTYP FPAAQSLLS HLFDTSSEGRA EGHYAAEHSR120  
LSAHCQPA 128

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 197:

- (A) LÄNGE: 46 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear



# DE 198 18 620 A 1

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 197:

FSYFSTPLSL YNYAILLDAG PLNAEMICFL GFFFFKKYFH WFSVTL

46

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 198:

(A) LÄNGE: 55 Aminosäuren

20

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 198:

YLSLCPCWPG NFFQWCLLEE VFSSCHFKKI KLEIEYGWHD CTLLVLLFFY SSVPL

55

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 199:

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren

45

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 199:

RGPGLLLKPN GGPPMKLGYG RNLDISPRLP LNRETVKRSI RFHREWPLIP NSFPHNSVFL60  
VSMKCLESRR KPVKIFLKKK KPQKTDHLSI QWTSI

95

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 200:

- (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 200:

RPGVEPPLLR RLPDSETQKR VQGWGEMWSE GRFAFEKGSS RTHWDIVTHL NHLLIERCWP60  
PNNGRSGPGP RA 72

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 201:

- (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 201:

GPSPYARGPG PDLPLLGGQH LSIRRWFKCV TMSQCVLELP FSNANLPSLH ISPHPWTRFC60  
VSESGNLLKR GGSTPGL 77

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 202:

- (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

# DE 198 18 620 A 1

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 202:

EANTFLSEDG SNVLQCPVSF SNFLSQMQTF PHSTSLPIPG PVSVSLSQAT FSKEGVPLPA60

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 203:

(A) LÄNGE: 84 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 203:

PTTTLVIFLF FLSSEKRRQK DSFQTALCSL HCSFPPQAAS TGKAHVVTYP FSEVLLFHGV60  
TLLSESEKRR QVLPLADKNH TSFL 84

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 204:

(A) LÄNGE: 128 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 204:

CDRVPLFLSY WCAVADSWLT ASSVSHVKGI LSPQPTTECAP PGPANCFNF FFFFFFFLVET 60  
GSPSVAQDGL ELLGSSNPPT LASQSAEITG MSHYAQPEQD DLNLINSTPK QQLSLSQGCQ120  
GGLCEGKN 128

60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 205:

65

- (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 205:

WVAGRRHLLS VQTKSLQVLG LDLCVTPESQ CIRYLYKKLV WFLSAKGKTC FLNLLSDNKV60  
TPWKRRTSEK YGVTTWAFPV LAACFGKLQC RLQRAV 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 206:

- (A) LÄNGE: 49 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 206:

PDFRGFAGPA MFSRGEQVGR GERQGENAPC RGVQRSPASC PAVGWTSDL 49

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 207:

- (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 207:

QISGVLRAPR CFPEVFKWEE ESDKVMPRA GASSGVLPV RRWGGRLIYE GAHPPI 56

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

- (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 208:

CCSCQSSQVR YSDRWGMTFI NQTSTPPDS WQDSAGRPGT GHFHLVALLF PLENLWKTSR60  
GPQNPENL 68

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 209:

- (A) LÄNGE: 164 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 209:

WGGRTLASAV SIPLRKCHSH RPTVLARKQP QSGVPPPYTA IASPDASGIP VINCRCQSL 60  
INLDGKLHGH VVKCTVCNEA TPIKNPPTGK KYVRCPCNCL LICKDTSRRI GCPRPNCRRRI120  
INLGPVMLIS EGTTSACIA QSQPEGYKGR VLGHGWGTHS LWDG 164

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 210:

60

- (A) LÄNGE: 218 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 210:

SSAVPDGAVG RPVAVAVGGP PHSCRCRPCC LMAAIGVHLG CTSACVAVYK DGRAGVVAND 60  
AGDRVTPAVV AYSENEEIVG LAAKQSRIRN ISNTVMKVQK ILGRSSSDPQ AQKYIAESKC120  
LVIEKNGKLR YEIDTGEETK FVNPEDVARL IFSKMKETAH SVLGSDANDV VITVPDFDGE180  
KQKNALGEAA RAAGFNVRL IHEPSAALLA YGVGQDSP 218

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 211:

(A) LÄNGE: 186 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 211:

RKWTLTGMSQ KRMLKRPDNK LKYVTKWQRT AKQITHPFSR NSTMSSMNIT ILTSPTSSRK 60  
YKRAEERIV PMGESMKTYA EVDROVIPII GKCLDGIVKA AESIDQKNDS QLVIEAYKSG120  
FEPPGDIEFE DYTQPMKRTV SDNSLSNSRG EGKPDLEFGG KSKGKLWFFI KKNKLMSLLT180  
GGPFSF 186

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 212:

(A) LÄNGE: 60 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

# DE 198 18 620 A 1

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 212:

5

ISGRRVSLNF VSEFSITEFC PCWCLGYRPD GPGSFPCSG LEVSPLHFLK ACVQCSPKSI60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 213:

10

(A) LÄNGE: 68 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 213:

30

DLCSLTSATK GSITCFLNKA LVSPPASSGL HYSETNSTSF AGGITVPISR LGPALQTSFG60  
LLVLLTLL 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 214:

35

(A) LÄNGE: 54 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 214:

55

TISFFKSKRG LKQEGTGTSS QMDLGEHCTQ ALRKCKGLTS RPEQDGKLPG PSGL 54

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 215:

60

(A) LÄNGE: 276 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 215:

LPTAFLLSSV FWIFMTWFIL FFPDLGAPF YFSFIFSIVA FLYFFYKTWA TDPGFTKASE 60  
 EEKKVNIITL AETGSLDFRT FCTSLIRKP LRSLHCHVCN CCVARYDQHC LWTGRCIGFG120  
 NHHYYIFFLF FLSMVCWII YGSFIYLSH CATTFKEDGL WTYLNQIVAC SPWVLYILML180  
 ATFHFSWSTF LLLNQLFQIA FLGLTSHERI SLQKQSKHMK QTLRLKTPY NLGFMQNLAD240  
 FFQCGCFGLV KPCVVDWTSQ YTMVFHPARE KVLRSV 276

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 216:

(A) LÄNGE: 49 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 216:

SPSRSPVVFA GEFLFKHPFV EESLMSFFHP DLHLMNPKAI STQFLYSVF 49

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 217:

(A) LÄNGE: 37 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH



## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 217:

KEINNYIRKE KNFKYLQPSST PNHPQDRWVQ KNAPWFY

37

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 218:

- (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

10

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

## (vi) HERKUNFT:

20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 218:

25

KFSSKDDRTS RRRSIIISER KKILSIYNPL LLITPKIGGS RKMHLGFTEE RS

52

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 219:

30

- (A) LÄNGE: 150 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

## (vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 219:

50

DKRNGIISKK LSPEKTTLKS ILKRKGTSID SDESDDIEIS SKSRVRKRAS SLRFKRIKET 60  
KKELHNSPKT MNKTNQVYAA NEDHNSQFID DYSSSDESLS VSHFSFSKQS HRPRTIRDRT120  
SFSSKLPSHN KKNSTFIPRK PMKCSNEESC 150

55

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 220:

- (A) LÄNGE: 83 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

65

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 220:

NKWNKSKLGK EISKATQSLD PAQLADPCHS LAVAASLCSL KGEPGQCFPS PWAWSLHSGK60  
QTSGPFPSQ ECLAAWWVLI AMF 83

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 221:

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 221:

NSKLVDCRME TWLLRHVVSF SLCVSCWGVV MIVSALTHCT RWQDOTALHK MAAPLQLPPQ60  
PPSLHPRFG LWFLSSVTYC LRS 83

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 222:

(A) LÄNGE: 90 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 222:

CLHNREPDIF RILSSSYGI LRPRSYLQTK WPWSLQNIAM STHQAAARHSW DLGKGPLVCF60  
PLCSDQAQGL GKHWPSPFS EHREAATARE 90

# DE 198 18 620 A 1

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 223:

- (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 223:

QSLRHCWLNI SLQRDGAFKE PGAGPVSSKA LDVFLVRTRR GCQPLKPSG LVWPRAAGQG 60  
RAEKWSSSQL ALPSPTQPRP RWSLDSILTS ASPKVQMSKC LVVQSQEMGS YLKS 114

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 224:

- (A) LÄNGE: 145 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 224:

GCVGGGRAEA MAEKFDHLEE HLEKFVENIR QLGIIVSDFQ PSSQAGLNQK LNFIVTGLQD 60  
IDKCRQQLHD ITVPLEVFY IDQGRNPQLY TKECLERALA KNEQVKGKID TMKKFKSLLI120  
QELSKVPED MAKYRSIRGE DHPPS 145

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 225:

55

- (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 225:

GQTMRTGLR GVSRAQSHLS RKVASALAVP ASRRIAVPGD LHTGRVSWLR RRVLPPDAS60  
ILSHVFRKYF RKFLNQQAFK FLHGVDLAFN LLIFS 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 226:

(A) LÄNGE: 87 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 226:

ALRPPLYALG QQVGAVTGPA DCSATAPLDF WIFWKQSQNS GLLGGWQRGM VRGPPFISLF60  
SIRWQSTGHP WWVSGPRMP TLPFESR 87

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 227:

(A) LÄNGE: 79 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 227:

APALATQPPL SLPRGTGPAY LNSLTMLQT WLLDSKLLSS NVLLPHFHFL HICLLLYWFL60  
LLNLYFHSWV LCLPPFFSA 79

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 228.

- (A) LÄNGE: 87 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 228:

RMSVVEASFV CLGTTGRCCH WSCRLFSNSP FGFLDILETK SEQWPTGGLA EGYGKRTSFH60  
LPVQHMAVH RSSLVGVPRK THAHLTL 87

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 229:

- (A) LÄNGE: 150 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 229:

ATLSRFFGRI FNLRLTQVFP FLFSSPNDKK SFCSIEGEWN GVMYAKYATG ENTVFVDTKK 60  
LPIIKKKVRK LEDQNEYESR SLWKDVTFNL KIRDIDAATE AKHRLEERQR AEARERKEKE120  
IQWETRLFHE DGECWVYDEP LLKRLGAAKH 150

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 230:

55

- (A) LÄNGE: 51 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 230:

KFYRHTPLLI CLHIGLWLLS FYNGRVQSSH QRWSGLQTLT YLLPCLSQKK L

51

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 231:

(A) LÄNGE: 75 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 231:

SFTGTHPCSF VYILAYGCFP FTTVECSHHT RDGLACKPLP IYYLACHRKS YRPRSKTKTK60  
PFVKTLKRAK NLPTV

75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 232:

(A) LÄNGE: 41 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 232:

SAVITPEMVW PANPYLFTTL PVTEKVIDLG LKLKQNPLLR P

41

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 233:

- (A) LÄNGE: 206 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 233:

DSLRRGLGIC LWEFIHLSLL FTSPKPGFPL LKPAVISQLE GGSELGGSSP LAAGTGLQGS 60  
 QTDIQTNDL TKEMYEGKEN VSFELQRDFS QETDFSEASL LEKQQEVHSA GNIKKEKSNT120  
 IDGTVKQETS PVEECFFSQS SNSYQCHTIT GEQPSGCTGL GKSISFDTKL VKHEIINSEE180  
 RPFKCEELVE PFRCDSQLIQ PSREQH 206

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 234:

30

- (A) LÄNGE: 49 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 234:

50

SPSRSPVVFA GEFLFKHPFV EESLMSVFHP DLQLMNPKEI STKFRYSVF

49

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 235:

55

- (A) LÄNGE: 33 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 235:

KEINNYTRKE KNFKYLQPS T PITPQILGPK KFH

33

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 236:

(A) LÄNGE: 44 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 236:

KFSSKDDRTS RRRSIIIPER KKILSIYNPL PLSPPKYWAQ KNST

44

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 237:

(A) LÄNGE: 57 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 237:

RIRRSALIFS KGVQRWRRVF GRRVSPGSGN TESEASDYRK KQGTSKVFG RVLKKIQ

57

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 238:



# DE 198 18 620 A 1

- (A) LÄNGE: 44 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 238:

20

GTLFFTVVTG FALCVPAAGT YPPSENPPPS LYTLGKDQCR TPDP

44

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 239:

- (A) LÄNGE: 74 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 239:

NLYPTLEFNP SHFVVELTGF FSTPFFRTPL RYLVFYGS HW LRSLCSRCRD LPAFRKPAAI 60  
SVHPWKRSVQ NAGS 74

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 240:

- (A) LÄNGE: 42 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

60

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

65

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 240:

GAGEPLNQPE TRWSHVKQLS WCGGTEVDQH WSLQPPGSLW CN

42

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 241:

- (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 241:

STGNTCQFSC TTGYQGAEST SAGLPLYLHT RTAASRGTTG SPVGSVAPQH

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 242:

- (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 242:

APATPASSVA PQATRCLKGP VLVLCTSTP GQLLHVGPFG LRLVQWLPST

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 243:

- (A) LÄNGE: 183 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 243:

10

AAVAFGAKGT SPAEARSSRG IEEAGPRAHG RAGREPERRR SRQQRGGGLQ ARRSTLLKTC 60  
ARARATAPGA MKMVAPWTRF YNSCCLCCH VRTGTILLGV WYLIINAVVL LILLSALADP120  
DQYNFSSSEL GGDFFEMDDA NMCIAIAISL LMILICAMAT YGAYKQRAAG SSHSSVTRSL180  
TLP 183

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 244:

(A) LÄNGE: 157 Aminosäuren

20

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 244:

CQHVHCHCDF SSHDPDMCYG YLRVQATRS WIIPFFCYQI FDFALNMLVA ITVLIYPNSI 60  
QEYIRQLPPN FPYRDDVMSV NPTCLVLIIL LFISIILTFK GYLISCVWNC YRYINGRNSS120  
DVLVYVTSND TTVLLPPYDD ATVNGAAKEP PPPYVSA 157

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 245:

45

(A) LÄNGE: 41 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 245:

GKGIQDMRGF CPMGSPALQH TGSPSASIGL GKGQLCLCAV V

41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 246:

- (A) LÄNGE: 29 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 246:

TNASTGTTCV LQSRGPHGTG SPHVLDPLS

29

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 247:

- (A) LÄNGE: 32 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 247:

PLPRPMLALG LPVCCRAGDP MGQGPLMSWI PF

32

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 248:

- (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja		
(vi) HERKUNFT:		5
(A) ORGANISMUS: MENSCH		
:		
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 248:		10
GKGIQGMGRP CAMGSPAVQQ KGSPSASIGL GKGQLCLCAI V	41	
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 249:		15
(A) LÄNGE: 25 Aminosäuren		
(B) TYP: Protein		
(C) STRANG: einzel		20
(D) TOPOLOGIE: linear		
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		
(iii) HYPOTHETISCH: ja		25
(vi) HERKUNFT:		30
(A) ORGANISMUS: MENSCH		
:		
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 249:		35
HWDYLFVEQQ GTPWHRVPSS PGSPF	25	
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 250:		40
(A) LÄNGE: 29 Aminosäuren		
(B) TYP: Protein		
(C) STRANG: einzel		45
(D) TOPOLOGIE: linear		
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		
(iii) HYPOTHETISCH: ja		50
(vi) HERKUNFT:		55
(A) ORGANISMUS: MENSCH		
:		
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 250:		60
TNASTGTTFL LNSRGPHGTG SPHPLOPLS	29	
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 251:		65

## DE 198 18 620 A 1

- (A) LÄNGE: 81 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 251:

ATKTVPRQRW SPPHCPRPNP SINLLRCGWG NRGKTEAPDA FSLCASSAID CPDVQRETH60  
RFAHENWGAD GQADRLCLFS E 81

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 252:

- (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 252:

GVDGETEAKL RHLMSACCA AVPLTALMFR EKRTQGLPMR IGEQMAKQIG YVCFLSDEVR60  
KPCGSGGHLW FILFPYPWLL EMVTFRTVQL HLSEHYC 97

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 253:

- (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 253:

LEILGIFSRV SKLSSSPDTT HPSSQIGVAI LGGRVVGTP GCLHISQNYR RTIVPKSRVF 60  
TGRQNLFSMP VPQLLSQIPI LGSHQLPIPH QTATVPSLSP YCSFKSCSQE RNCH 114

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 254:

10

- (A) LÄNGE: 53 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 254:

IPSPQGPFCR SYSDPRKCPF PIVVLCLWGL VYPRGNCGEI IGLRVKRALV LEL 53

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 255:

35

- (A) LÄNGE: 35 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 255:

QVDTLISTRK GLKLQNCQSL DSQTNDFTV TPGID 35

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 256:

- (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

65

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 256:

TKPQRHRTTM GKGHFLGSEY DLQNGPCGLG IYPYAVPWSN A

41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 257:

(A) LÄNGE: 47 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 257:

PIVNYGCHVL QNPYCPFEVC PSSKIRSYDS TAQHGTLIKT LSSSTFP

47

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 258:

(A) LÄNGE: 34 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 258:

IMDATFYKIL TAPLKCVLPP RSEAMTQLLN MELS

34



# DE 198 18 620 A 1

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 259:

- (A) LÄNGE: 43 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 259:

KPSLVLPFPK WALLPVTHMT LFGCGCLLNS LEWTSFTKPK PAR

43

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 260:

- (A) LÄNGE: 205 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 260:

GSVKVPASPR PGGTSLGPGV AAKELSFSPR NGRRGQLPRP PGSITLLFF SSPASRGPAS 60  
LSPGGIRLLL PPPHLLPGQ PACPAVMCD KEFMWALKNG DLDEVKDYVA KGEDVNRTE120  
GGRKPLHYAA DCGQLEILEF LLLKGADINA PDKHHITPLL SAVYEGHVSC VKLLLSKGAD180  
KTVKGPDLGT AFEATDNQAI KALLQ 205

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 261:

55

- (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 261:

TMLVAITVLI YPNFIQEYIR QTAPNFPYRD DVMSVNLVW ALLFFCLLAL ILTFKG 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 262:

(A) LÄNGE: 38 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 262:

LCPEQCWLQS LCLFIQTSFR NTYGKLLIF PTEMMSCQ 38

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 263:

(A) LÄNGE: 52 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 263:

HDIISVGKIR SSLPYVFLNE VWINKHSDCN QHCSGQSQRS ANRRMADPAA RC 52

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 264:

(A) LÄNGE: 180 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 264:

RNMSSFSRAP QQWATFARIW YLLDGKMOPP GKLAAMASIR LQGLHKPVYH ALSDCGDHVV 60  
IMNTRHAFS GNKWEQKVYS SHTGYPGGFR QVTAAQLHLR DPVAIVKLAI YGMLPKNLHR120  
RTMMERLHLF PDEYIPEDIL KNLVEELPQP RKIPKRLDEY TQEEIDAFPR LWTPPEDYRL180

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 265:

(A) LÄNGE: 78 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 265:

VIGYPSKINS EPSPIYINRP GNNVKLNCMA MGISKADITW ELTDKSHLKA GVQARLYGNR60  
FLQPQGSMTS SACHKEGW 78

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 266:

(A) LÄNGE: 40 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 266:

ATPLCGMLNG SLIPGVEEIC FHTDEPEPLP SDATYPLTPT

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 267:

- (A) LÄNGE: 136 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 267:

VGIWQEDHLP QSLGFLNKKE IVFLSWLLRL LKLALPLKYD ISFAVLNLKL VASSVAHFQF 60  
LYQASLLSFP LRMGQVCSGG HSVRFSGRFG RGFKGKYSYG RMGSGVKVGD KGGRAKGGVE120  
GWGPYLDGRM PGGQ GK 136

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 268:

- (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 268:

LVYPKQGTKE PGKRS GHV KR DTQDTLRDQS GSTPVLLPEC LCVNPCFLQN KRQQRKLLNQ60  
NTDPMRNGAC FCDPGELSAR LQELTDGQLL IF 92

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 269:

- (A) LÄNGE: 103 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 269:

NLVYTMWLQI YVNVHFEHIY VLWKEMLVTK IRFTLKKEEF YSKHSNILEK CFKIQSIVFK 60  
VAVKASTYVK TQKEGSSDKN TAPLLCCFSC SLYTLKHL SGA 103

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 270:

(A) LÄNGE: 82 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 270:

FIYKQSKVRD IFAVTLAILS LQPTSRVQC TSNNSLKTRH LTISVYLVC VNKSSIIKE60  
LCFYQRLPS EFLHKLMPSL QL 82

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 271:

(A) LÄNGE: 25 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 271:

65

LMCLNLLRRT FYSATDFRDE FALDR

25

## 5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 272:

- (A) LÄNGE: 26 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
10 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## 25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 272:

KIVFNFWGNK VNKEGNAGME VIGHYM

26

## 30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 273:

- (A) LÄNGE: 47 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## 50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 273:

HVVPYNFHIAC ISFLIHLVSP EVKHYFLIPW LVFYLSANS SLKSVAE

47

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 274:

- (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
60 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 274:

QQHHLPSQLG FLNKKEVVFL TWLLRLKLA LPLKYDISFA VLNLKLVASS VPHFQFLYQA60  
SLLSFPIRMD MCCSACHVCN ASCREFGHSI KEKIQ 95

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 275:

(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren

15

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 275:

LLHQYHTSSF YTKPVSSVFP LEWTCVQRV MSVMLHAESL VIVLKRKYSE VTMSPE 56

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 276:

(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 276:

HAEQHMSILM GKLRRRLAWYR NWKCGTDEAT NFKERTAKLM SYFKGRANFN NLNNQVKNTT60  
SFLLRNPNPND 69

60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 277:

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren

65

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 277:

YILEISPLKP SLAPTSCGLM PQGFPPHFCN PRYPSLSTPS QTPTPGIARE DEGLANCVGY60  
VSVVLIRDVH DCQSAFLTSTV TTLRCNSSQ KKTFS 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 278:

- (A) LÄNGE: 133 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 278:

PTQFARPKSS RAIPGVGVWD GVDNEGYLGL QKWGGNPWGI SPQEVGASDG FRGDISNIYQ 60  
PWALSPCCSQ HGPHSSLRL TWELVRNAGS PRSIELEAVL TRSPVIFMAQ SSFLRDRCL120  
LSAGMRHPWG RCG 133

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 279:

- (A) LÄNGE: 102 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:



# DE 198 18 620 A 1

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 279:

5

LKQSHNQHN LLGQSLHGQS LGWESGMGWI MKDTWGCRSG VGIPGASVHR RWGPAMASGV 60  
IFPIYISPGH SRPAAHSMVL TPAASALPGS LLEMQDLPLD LS 102

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 280:

10

- (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 280:

30

SGVITAEMVW PAKSYLFTIL PVTEQVIDLG LKIKQNSLLR P 41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 281:

35

- (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 281:

55

KFQCPLIVLS AHSLAHLFTY CLWLLFFYKG RVESQQRWS GLQSLIYLLS CLSQNKL 57

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 282:

60

- (A) LÄNGE: 74 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 282:

FYRHTALLIC LHIVYGCFSF TKVEWSHHSR DGLACKVLSI YYLACHRTSY RPRSKNKTKF60  
FVKTLKRDKK LPTV 74

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 283:

(A) LÄNGE: 86 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 283:

VYSANEGQNF QFIDGYSAAD ESLCVSHFNF CKQRHRPRTV RGRTSFSSKL PRHNKENSTF60  
ISRKPMECSN EEVVNQGQSD GSMGKF 86

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 284:

(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 284:

# DE 198 18 620 A 1

GAELVFLQNC LGIIRKIALL FQGNRWNVQM RKLLIKGSRM DQWVNFRWRQ GGAYIHSNPD60  
VIWSGQGWK 69

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 285:

5

- (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 285:

25

LTSSFEHSI GFLEIKVLFS LLCLGNFEEK LVLPLTVLGL CLCLQKWKWL THKLSSAAE 59

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 286:

30

- (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 286:

50

GKEPQPESNS IMVKFPTSS CEWVIRKNEK PKDKNQRMG SVTGLSSIL NPIEYCGLTK60  
CQGGD 65

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 287:

55

- (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 287:

FLSFGSSFFL ITHSQDDSVG NLTMIELLSG WGSFPHRKDI LKTKKYLN

48

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 288:

(A) LÄNGE: 32 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 288:

ARNIQSDLEW MIKIQSQTPS VFDFCLLDPH FS

32

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 289:

(A) LÄNGE: 24 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 289:

LKTLRPLLIS GRIPVISLIR YISE

24

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 290:

# DE 198 18 620 A 1

- (A) LÄNGE: 36 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 290:

20

LILSYSEGKK NYSEIYLRL ITGILPDISN GLRVFN

36

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 291:

25

- (A) LÄNGE: 30 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 291:

45

GFLIKYKLN LLLGLTIRIP NTQTPQHKAS

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 292:

50

- (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

60

(vi) HERKUNFT:

65

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 292:

CAKLETGFDF LSYLFAFCAS PSNLVHLSSH SCYFQVKQDI LGVKSLWVFC FYVYKNGFCV60  
FFPCKYQLIW KLTIIM 76

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 293:

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 293:

VELSLLFPQL SQLLVNFKEA GHDDSHLLSQ NFGRRRWADS LSPGVQDEPG QYGPTSSLTK60  
HPH 63

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 294:

(A) LÄNGE: 73 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 294:

PPKCLVSLEN NMNETKDPEP YLVTHRRRTS SSGNQILFOA WHIKGKKGSE RRVRYHLKP60  
QKIWQKTASK SIR 73

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 295:

(A) LÄNGE: 50 Aminosäuren

# DE 198 18 620 A 1

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 295:

SGVITAEMVW PAKSYLFTTL PVTEQVIDLG LNITQNPLLR PSQDIRSFQL

50

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 296:

(A) LÄNGE: 50 Aminosäuren

25

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 296:

VLSAHSLSLHL FTYCLWLLFF YQARAESSQQ RWSGLQSLIY LLPCLSQNKL

50

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 297:

(A) LÄNGE: 74 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

50

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

55

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 297:

CYRHTALLIC LHIVYGCFSF TKLERSHHSR DGLACKVLSI YYLACHRTSY RPSGSKHHTKS60  
FVKTLPRHKK LPTA 74

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 298:

- (A) LÄNGE: 132 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 298:

PLGPASSAFG PSGSKSRSEE GRDGTASPGT FKYHPWSPLS SLREWTSQST SSGLSDLLLC 60  
LYQPWQGSRI HLVGSGPSQY HWGSNKFLEP QSLGPGSQLI GDGVPFQARA EFGTSGHELE120  
GNSVSYELGP WP 132

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 299:

- (A) LÄNGE: 70 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 299:

ESRRGALAGP LSKAGEGRPG WYLNVPGLMS HPFLPHSYSL TLMKARDAG PKGKNVLSVF60  
SGFYSLVSLH 70

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 300:

- (A) LÄNGE: 143 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear



(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 300:

GVKAREYRED VFTFRACVSG FGHQQRVGV RKEGMGQHPW DVQVPSWSPF SSLREWTSQS 60  
TSSGLSDLLL CLYQPWQGSR IHLVSGGPSQ YHWGSNKFLE PQSLGPGSQL IADGVPFKLVL20  
PARAEFGTSL KGNSVTYELG PWP 143

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 301:

20

(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 301:

40

HVALHNYHHN QDPEQFHYHK TPLCYPFLAT PIPSPVPGPW HFFICYVSLQ VLQLTSPKWN60  
CCLRILFLC 69

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 302:

(A) LÄNGE: 51 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

55

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 302:

PCITTTTTKI QNNSIITRLR CVTPFWPHPS PPLSLAPGTH LSVMYHCERYF N

51

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 303:

- (A) LÄNGE: 51 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 303:

LPPQPRSRIT PLSQDSFVLP LSGHTHPLPC PWPLAPIYLL CITAGTSINI T

51

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 304:

- (A) LÄNGE: 408 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 304:

FANWEFMGTE QLQPQLPSPK VWSCRGCROG PTKFNQVSRM QTPAPVSRRV GLAVSLTPPP 60  
 SGQSGPSVMC KAAACPATPA SAPSQGLSFG GPVSCWPGSP LLHLIGGRQL LDLCPCGGRS120  
 LPFSSSSSSS VSNDAPDGP RGLGCFGGVV LGGRGFKYLL YFLFVAATQQ ILLGRASAF180  
 LKRQVGDPLV VAPAFFAVAG HLHQAVALPG VVRVRDQET MQVSGLGAL GLGRLSQELR240  
 QALHARHPHD VDVVVTAEGE DEREVDLQGD VILLLLVNGQ EAEDHAVVWH IHQLGRLVHP300  
 HCEAILALSG HQKLLHRGGH RLHLLRRVVA RHELFQRHVA IIIHSGCGST AVPREKLQNP360  
 SQRAQNLPTL LERSKTFGK QRNPSRKGGK IYCKVLGEDN PGSCGNQR 408

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 305:

(A) LÄNGE: 169 Aminosäuren

# DE 198 18 620 A 1

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 305:

GWGVWQAGLD PVLGPPSSAV PSLLLGVVSM VVPHLQLCLS AVPLASSSLN SAAWSPVSSR 60  
ARQGWGGWCW QQLLSWCDLS GLHLRGRNGP GYRGQIHGWS SPRPPGLGAA GGRWLLVGRW120  
PSCLACLPCL SSSPNALSVS AFLAPGLSTP SAYKAVSPPQ TTVWLQPIR 169

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 306:

25

(A) LÄNGE: 120 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 306:

ILQLGHQFPL VPARAGAVGV GSSFSLGATF PASTSEVGMG QAIEVRFIQA GVLVLRAWGL 60  
LGGAGCWWEH GHRAWLVFPA SLLLLTLCLS LLSWPRASPL PQLIRLCLLL RPQSGSSPSG120

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 307:

50

(A) LÄNGE: 472 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

60

(vi) HERKUNFT:

65

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 307:

```

SES LTHPGEE PGGPPPGGAP T MATPLVAGP AALRF AAAAS WQVVRGRCVE HFPRVLEFLR 60
SLRAVAPGLV RYRHHERLCM GLKAKVVVEL ILQGRPWAQV LKALNHHFPE SGPIVRDPKA120
TKQDLRKILE AQETFYQQVK QLSEAPVDLA SKLQELEQEY GEPFLAAMEK LLFEYLCQLE180
KALPTPQAQQ LQDVLSWMQP GVSITSSLAW RQYGVDMGWL LPECSVTDSV NLAEPMEQNP240
PQQORLALHN PLPKAKPGTH LPQGPSSRTH PEPLAGRHN LAPLGRRRVQ SQWASTRGGH300
KERPTVMLFP FRNLGSPTQV ISKPESKEEH AIYTADLAMG TRAASTGKSK SPCQTLGGRA360
LKENPVDLPA TEQKENCLDC YMDPLRLSL PPRARKPVCP PSLCSSLVITI GDLVLDSDEE420
ENGQEGEKES LENYQKTKFD TLIPTLCEYL PPSGHGAIPV SSCDCRDSSR PL 472

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 308:

(A) LÄNGE: 138 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 308:

```

PGFALRGAIG PREGRGGGRG YRRSSGRQPL VSWQRQARCG SGGAMSFCSF FGGEVFQNH 60
EPGVYVCAKC GYELFSSRSK YAHSSPWPAF TETIHADSV KRPEHNRSEA LKVSCGKCGN120
GLGHEFLNDG PKPGQSRF 138

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 309:

(A) LÄNGE: 121 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 309:

```

SYGATAAFLS RSEASYFRD CETGFRFLPS WTRGQGCAPS ACLPSRSQTI PTLAGLEGFD 60
QSGSCSDQGG GQWQGRPPFP FCLLSSLGDV GLSFEDES LSWNASQGRV QROGQEKKVR120
V 121

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 310:

- (A) LÄNGE: 249 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 310:

SEQGAKSADS. VAAQPRPVPA EGMNHQQMSL FSKKRKGLVQ SRGLGSVLMF QPLRPAFLSR 60  
RPGFQLQGGM ANVWPQCGGR LGVWVAARLV TLGGRSFFAF RDKLQRAAEY SESGLPRLGA120  
VVQELVAQPI ATLATGHLQG FRSIVLRTLQ HAVGVNGLGE RRPWRRVCIL RAAGEQLIAT180  
LGTHVNARFK VILENLAPPE AAERHGATGT AARLPLPTDQ RLPTRRPPVP ASTSPPLPRT240  
NRSPEGESR 249

25

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 311:

- (A) LÄNGE: 204 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 311:

LGSSWIFVNL TVRFCILGKE SFYDTFHTVA DMMYFCQMLA VVETINAAIG VTTSPVLPSL 60  
IQLLGRNFIL FIIFGTMEEM QNKAVVFFVF YLWSAIEIFR YSFYMLTCID MDWKVLTWLR120  
YTLWIPLYPL GCLAEAVSVI QSIPIFNETG RFSFTLPYPV KIKVRFSFFL QIYLIMIFLG180  
LYINFRHLYK QRRRRYQKK KKIH 204

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 312:

60

- (A) LÄNGE: 155 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein

65

- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 312:

```
RISGCSRSS CCFQCPTADR FKKPTEQQQN EVFLRSIQKC TVPPLTRTST QVNGLSQCRR 60
WKAAIFYVCA QPYSLEVCLA YSNISLSKA VHCYCQFDLH TVFPLDPCYH LDLVCVCVYV120
CLCVCGLVWF ETGSCTVTPG CSAVAQSRLT AALTS 155
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 313:

- (A) LÄNGE: 70 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 313:

```
AVMDQVMQFV EPSRQFVKDS IRLVKRCTKP DRKEFQKIAM ATAIGFAIMG FIGFFVKLIH60
IPINNIIVGG 70
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 314:

- (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 314:

FRNRKHLERK KKNPQNIQAN LYSVSFSHPH TCSPISKMKN SLPKCIQPPT MMLLIGIWIN 60  
FTKKPMNPPII ANPIAVAMAI FWNSFLSGLV HLLTSRMESF TNCRLGSTNC IT 112

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 315:

10

- (A) LÄNGE: 110 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

25

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 315:

30

DEKLSSKMYs ATNNDVINRN MDQFHKEANE SHYSKSYCCC HGNLLEFFSI RFSASFNQPN 60  
GVLYKLPTWL NKLHYLIHDC LPNRHLKCQG HVALELADGG PPEPESGFLP 110

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 316:

35

- (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 316:

55

GSSEGSYSSQ TETCPLTPSL VTGSMFAQNF LRGLSLQKSN LLPECCCLASE NLTLSPFSVN 60  
GHRCVAQGSE TSESRAQWHG VALVVRKVIG QLYCKRNKYV VQFCKCQVCS VVL 113

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 317:

60

- (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 317:

GKRGQLWSLN LLAPCAGYKT RSWSKIALTP NPNAVQDLGA TQPVVIWCWF PFFVCLLVSK 60  
IALLGTAWKV QAFLARSL ASSPCLHSVP KEDFCSTLWS 100

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 318:

(A) LÄNGE: 101 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 318:

SQIISNLVDN YSIQELMFSE TVINRIFTSG LAGRLGGRKG RVEGWVAHQN GDEPGKTTML 60  
LFLYPLKPIS RVLNDAFFVC FLIGSQISFS IKNWGYKPKE T 101

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 319:

(A) LÄNGE: 368 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH



# DE 198 18 620 A 1

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 319:

WWRLNNSAK VRQQAADLIS RTAVVMKTCQ EEKLMGHLGV VLYEYLGEY PEVLGSILGA 60  
LKAIVNVIGM HKMTPPIKDL LPRLTPILKN RHEKVQENCI DLVGRIADRG AEYVSAREWM120 5  
RICFELLELL KAHKKAIRRA TVNTFGYIAK AIGPHDVLAT LLNNLKVQER QNRVCTTVAI180  
AIVAETCSPF TVLPALMNEY RVPELNVQNG VLKSLSFLFE YIGEMGKDYI YAVTPLLEDA240  
LMDRDLVHRQ TASAVVQHMS LGVYGFGCED SLNHLLNYVW PNVFETSPHV IQAVMGALEG300  
LRVAIGPCRM LQYCLQGLFH PARKVRDVYW KIYNSIYIGS QDALIAHYPR IYNDDKNHLI360  
IRLMNLGL 368 10

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 320:

- (A) LÄNGE: 121 Aminosäuren 15  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear 20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja 25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH 30

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 320:

YPFFTLQQRN RVFDISSYVK EMLQNVNCFK LKLPLKRPRY IYLIVYIMFN ICQSILQVCS 60 35  
FISIKYGYV AQLLKWYICV YICTPNNIVC TFCFLYCICA GFFRLYQCNL CLLRYVQKMS120  
I 121

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 321:

- (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear 45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja 50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH 55

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 321:

FFFFFFFF HSNVYFFFFFF FFFFFFFGNVI YLHCFHSSTV VLGLNISITL LFPIYILLEY 60 60  
YKYNIQFKK TYGETQLMFF SPLYRLLSII RLQWKFIWTF SVHILKGRDY TDKA 114

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 322:

65

# DE 198 18 620 A 1

- (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 322:

```

EKCGQYIQKG YSKLKIYNCE LENVAEFEG L TDFSDFKLY RGKSDENEDP SVVGEFKGSF 60
RIYPLPDDPS VPAPPRQFRE LPDSVPQECT VRIYIVRGLE LQPQDNNGLC DPYIKITLGK120
KVIEDRDHYI PNTLNPVFG R MYELSCYLPQ EKDLKISVYD YDTFTRDEKV GETIIDLENR180
FLSRFGSHCG IPPEYCVSGV NTWRDQLRPT QLLQNVAREFK GFPPQILSED GSRIYGGRD240
YSLDEFEANK ILHQHLGAPE ERLALHILRT QGLVPEHVET RTLHSTFQPN ISQGKLMWV300
DVFPKSLGPP GPPFNITPRK AKKYLRVII WNTKDVILDE KSITGEEMSD IYVKGWIPGN360
EENKQKTDVH YRSLDGEENF NWRVFVFPDY LPAEQLCIVA KKEHFWSIDQ TEFRIPPRLI420
IQIWONDKFS LDDYLGFELE DLRHTIIPAK SPEKCRDMI PDLKAMNPLK AKTASLFEQK480
SMKGWWPCYA EKDGARVMAG KVENTLEILN EKEADERPAG KGRDEPNMNP KLDLPNRPET540
SFLWFTNPCK TMKFIVWRRF KWVIIGLLFL LILLFVAVL LYSPLNYLSM KIVKPNV 597
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 323:

- (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 323:

```

IRRDKAYLTF KWRDDENPLI QSFRTKRQSS DKSMTWMKCP TGALDIFNFC DYVKEVDFTD60
NGAEANISK R NPNFFP 76
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 324:

- (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 324:

FFLYSFSSDN HDFSFKTIY LAFVSGGELA ISLLKPAIIV NLRTGLSWGGS EGKELFEQMC60  
VGGTGFHPTA KLVLEISFY NTKISLCQRF 90

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 325:

20

(A) LÄNGE: 60 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 325:

40

TRSLLYFHMF LILWEEVGIP FTNVGFCSII CKVHLFHIIA EIKDVQGPCR AFHPCHTLIR60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 326:

45

(A) LÄNGE: 42 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 326:

65

# DE 198 18 620 A 1

IRNEKKGCVL SVGEMELVLV VLEQDRHLVL MLNSFVIVEH RG

42

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 327:

- (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 327:

ATCSDNRSKI FQLENLECYV LLEPAICMYR INNFYSFGQV ILRQSQWIQK

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 328:

- (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 328:

PKGVVVNPGA LLSQRTTASE LSACPAPTLP GPVPSHLLIR HSLSSHSL

48

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 329:

- (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 329:

ISEVAVNFSV LLLASVCLPI DTHYTNVPSK CSLHICFHCV PTGAMKCVRS PSSGGMSAAL 60  
TTAIRIVLCG IFIYINFICT VISLFICQVT ICKSYTHKLL 100

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 330:

(A) LÄNGE: 122 Aminosäuren

15

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 330:

EAQKWLCIWT RNYKRVQSLV SRMQALALGD GSSLENAAAD SLFQRRSFER RVCYISFFTV 60  
TLWRLKDLV SCFLKITGIW RPVKPFWTDI SSKYFFIKVF EGDDFLDLWL DILGFDPYIV120  
LS 122

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 331:

40

(A) LÄNGE: 124 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 331:

ENWASRYFQS SFTEQKVWVG HWLEGDSPTL TVTIWAATGG IVQLASRCIP HLKYCWIKAI 60  
YTLAKSKAKE IALDPESQOD HLIFPNQHLG QQLPSTFLFH SWFFFFFLLQ DLAVTQDGVQ120  
WHDH 124

60

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 332:

- (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 332:

LNVDLLITRR LCEKIYVYIY MICRSHFFYQ ALFSLQSHSL TVCNSWFMLM IDKYPVEVTF60  
SNYHCNDNLS HUYTCNFLAS FP 82

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 333:

- (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 333:

RLVKYKNSLN REKASQVFPL KVKYGTFFHN KVNDKNTLF FRRKKKTSYE PSLVNHLVYK60  
IFPLFKKCFC KILRSHEIMP WS 82

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 334:

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 334:

KLEYIMSTAN CSFCLILTDY AFPQRSSRSH IYRHIYSGSL KEKTILSSIM IYHCAINQKN60  
QVRNTIKTTL KGKNF 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 335:

(A) LÄNGE: 72 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 335:

NEYCSWSTCI KQKTCQLLGA NTQNLVPVFF FFLTTIVYTF LKIKFVTKSP MSFTCIYDHQ60  
MVIRATYVNA CL 72

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 336:

(A) LÄNGE: 93 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 336:

THNTSTITAY RKLQSTLQAS KVHSVAQSPW RGRDLKVLMS SYFTCFLLST QCKMNFHSL60  
YFRLKIDSFL VLTILTLEGT VPGKRSRFTV PNH 93

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 337:

- (A) LÄNGE: 99 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 337:

LGPRGEIEVY LAKSLAEKLY LCQYPVRPAS MTYDDIPHL S AKIKPKQQKV ELEMAIDTLN60  
 PNYCRSKGEQ IALNVDGACA DETSTYSSKL MDKQTFCSS 99

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 338:

- (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 338:

GKSRRSACPS ASRNTCWSRR RRPRPRSAQS APLCCGNSWG SGCRWPSQAL PSAAWA 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 339:

- (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja



(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 339:

GRAEGLLVHQ LRGIRAGLVG AGPVHVQRNL LPFAAAIVGV QGVDGHLKLY LLLLGLDLG 59

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 340:

(A) LÄNGE: 157 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 340:

QPSSLLHHCP YPYPPRHLLA TPLLKPQLLA GSPAHAASLIS FLASPQRASR QHGGPSQRAG 60  
TLSCPLVELG GSSGGRGLCH GSADPTNRAA EPQERGEPA GDRRPLPEWG RVSLAESPGA120  
EFRCPGSLGE WGEIPEKESS AHPKTEEAAL CPAPGSH 157

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 341:

(A) LÄNGE: 260 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 341:

NHSCWQGPQL MPASSPFLLA PKGPPGNMGG PVREPALSVA LWLSWGAAALG AVACAMALLT 60  
QQTELQSLRR EVSRLQGTGG PSQNGEGYPW QSLPEQSSDA LEAWESGERS RKRRRAVLTQK120  
QKKQHSVLHL VPINATSKDD SDVTEVMWQP ALRRGRGLQA QGYGVRIQDA GYLLYSQVLI180  
FQDVTFTMGQ VVSREGQGRQ ETLFRCIRSM PSHPDRAYNS CYSAGVFHLH QGDILSVIIP240  
RARA KNLNLS HGTFLGFVKL 260

60

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 342:

- (A) LÄNGE: 201 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 342:

TPASWIRTPY PWACRPLPRL RAGCHITSVT SESSLEVALM GTRCRTECCF FCFWVSTALL 60  
 FRDLSPLSQA SRASELCSSR LCQGYPSPFW EGPPVPCSR L TSLRLCSSV CWVSRAMAQA120  
 TAPRAAPQLN QRATESAGSL TGPPMLPGGP LGASKKGDEA GMSWGPCQQL WFQEWGSKEV180  
 AGRVRVRVAVV QKGRRLLRKE K 201

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 343:

- (A) LÄNGE: 165 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 343:

GRRSRMEIPV PVQPSWLRRR SAPLPGLSAP GRLFDQRFGE GLLEAELAAL CPTTLAPYYL 60  
 RAPSVALPVA QVPTDPGHFS VLLDVKHFS EEIIVKVVGE HVEVHARHEE RPDEHGFVAR120  
 EFHRRYRLPP GVDPAAVTSA LSPEGVLSIQ AAPASAQAPP PAAAK 165

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 344:

- (A) LÄNGE: 116 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 344:

TALAQFQASQ AQSPHPPNVL DCTDLPLQTI QAWFPRPDPS PATRQSTTAP SSPFSAVKPQ 60  
PATPDSGTLF RLPQLLDTRP TRTPNTKLYR LSHPNLRLC TDVLGPLPNS NQTPSP 116

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 345:

(A) LÄNGE: 111 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 345:

DIRAESGEVG VGESVQFGVG CSSWPGVQEL GQSKKGSRVW CGWLGFHGRK WAGGGSCRLS 60  
GCRGRIGSWE PGLDGLEWEV CAVQDVWVGW GLCLTGLGLG QGCLHNLVS K 111

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 346:

(A) LÄNGE: 53 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 346:

RTEEEKKKKE KNQQPQLPTP KCWSFYVKGR IPGYGHGVYK YVGRFSANSE PTV

53

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 347:

5

- (A) LÄNGE: 51 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 347:

25

NELKWTNRAE LSVGWQSWKP AFPASHQLNE VSMSIQLRLF EKNNHAFLNP N

51

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 348:

30

- (A) LÄNGE: 15 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 348:

50

RHAGGGALGN LPPQPPGSGV MHPETCPSTF LASPLPHSIA PGLFLLDFVL VLALFLIFFY 60  
YESPGRRGDS GSWPGPGRQV ALEMKGKLCR GAELSLCFSE FPLLLPLHTP VAGRNLGFPE120  
SLGVPPFLPH PGGTPRAPGL FLLLFSEWAV 150

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 349:

60

- (A) LÄNGE: 131 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

# DE 198 18 620 A 1

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 349:

RSFLTRSVIK LPKRKTRGET SPGPWAFPLG GVRRVGPPSF QGSRGSFQPR GCEGEGVEEK 60  
RRNRERAQRL DTDTFPSPGP PAVLAQASSH CHLCVQEIHN KKKSSTKPKP KQNPKGKDLG120  
QWNEEEGRRG R 131

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 350:

(A) LÄNGE: 151 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 350:

RKKGETEREL SASTQTLSHL QGHLPSWPRP APTVTSASRR FIIKKNQKQS QNQNKIQKEK 60  
TWNGMRKRG GEEGRAGLW MHNSRARGLG RKIPQRPAC VALARHVVFV GRLPIHPVEI120  
LVAGLLGGVK PVSDRQAGKG LGDGGCGRER V 151

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 351:

(A) LÄNGE: 108 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 351:

# DE 198 18 620 A 1

TLTAHEGRGG KCTEEDASQ QEGCTLGSDP ICLSE3QVSE EQEEMGGQSS AAQATASVNA 60  
EEIKVARIHE CQWVEDAPN PDVLLSHKDD VKEGGGQES FEELPSEL 108

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 352:

- 10 (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 352:

30 KFFGNSLHAT PKCTPITLWL FSEKDFSQIV PFTPLRAALG NSPDHLLPPS RHLCVTAGHP60  
GLEHPPPTD THEYGLP 77

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 353:

- 35 (A) LÄNGE: 122 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 353:

55 TYSIHLHSQT KLKSLKVHKK IAQLKSAEYT QNCHPTVFSV FPAILFPPQT SSAPSHPKYA 60  
IVFVILIKIL KQKFIVEQFM STKVCLSCSC PVCISSGFII QIKKILKNFL VTACMQPLSV120  
PL 122

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 354:

60

- (A) LÄNGE: 457 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 354:

PVCEPLSCGS PPSVANAVAT GEAHTYESEV KLRCLEGYTM DTDTDFTFCQ KDGRWFPERI 60  
 SCSPPKKCLP ENITHILVHG DDFSVNRQVS VSCAEGYTFE GVNISVCQLD GTWEPPFSDE120  
 SCSPVSCGKP ESPEHGFVVG SKYTFESTII YQCEPGYELE GNRERVQCEN RQWSGGVAIC180  
 KETRCETPLE FLNGKADIEN RTTGPNVVYS CNRGYSLEGP SEAHCTENGT WSHPVPLCKP240  
 NPCPVFFVIP ENALLSEKEF YVDQNVSIK REGFLLQGHG IITCNPDETW TQTSACEKI300  
 SCGPPAHVEN AIARGVHYQY GDMITYSCYS GYMLEGFLRS VCLENGTWTS PPICRAVCRF360  
 PCQNGGICQR PNACSCPEGW MGRICEEPIC ILPCLNGGRC VAPYQCDCPP GWTGSRCHTA420  
 VCQSPCLNGG KCVRPNRCHC LSSWTGHNCS RKRRTGF 457

15

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 355:

25

(A) LÄNGE: 210 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 355:

45

GVRAASKEIE ELRRAHREGT SRAVTGEGPA AGRMTVPKQT QTPDLLPEAL EAQVLPRFQP 60  
 RVLQVQAQVQ SQTQPRIPST DTQVQPKLQK QAQTQTSPEH LVLQKQVQVQ QLQQAEPQK120  
 QVQPVQVQQA HSQGPQVQQL QQEAEPKQV QPQVQVQAHF TAPRAGAAAA EEAGPDTDFS180  
 TGAHTGHSQA SRHRELLPGA VFSFRPPGAG 210

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 356:

(A) LÄNGE: 292 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

60

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 356:

```
GRAGRRTMF  SQQQQQQLQQ  QQQQLQQQLQQ  QQLQQQQQLQQ  QQLLQLQQLL  QQSPPQARCH  60
GVSGGPPQQP  QQPLLNLQGT  NSASLLNGSM  RQRALLLQQL  QGLDQFAMPP  ATYDTAGLTM120
PTATLGNLRG  YGMASPLGAA  PSLTPPQLAT  PNLQQFFPQA  TRQSLLGPPP  VGVPMNPSQF180
NLSGRNPQKQ  ARTSSSTTPN  RKDSSSQTMP  VEDKSDPPEG  SEEAAPRMD  TPEDQDLPPC240
PEDIAKEKRT  PAPEPEPCEA  SELPAKRLRS  SEEPTEKEPP  GQLQVKAQPQ  AG 292
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 357:

(A) LÄNGE: 169 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 357:

```
PRRLPSVAVG  MVRPAVSIVA  GGIANWSSPC  NCCKSKALCR  MEPLRREAEL  VPWRFRSGCC  60
GCCGGPPLTP  WQRACGGDCW  SSCWSCSNCC  CCNCCCWSCC  CCNCWSCCCC  CWSCCCCCW120
NMVARLPARP  QRSSRPBGWA  GPAAPTPRPG  GSGPRAPGLP  AATPGPVGS  169
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 358:

(A) LÄNGE: 158 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 358:



# DE 198 18 620 A 1

ISKTKKYCGS PSSRIRLEGG HLEMRKARGG DHVPVSHEQP RGGEDAAAQE PRQRFEPGLG 60  
LKRAVPGGQR PDNAKPNRDL KLQAGSDLRR RRRCLCPHAE GQLAFRDGVI IGLNPLPDVQ120  
VNDLRGALDA QLRQAAGGAL QVVHSRQLRQ APGPPEES 158

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 359:

- (A) LÄNGE: 119 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 359:

QSLRTLNLKN KKVWISLEP NSARGRSPGD EKGPRGGPCA CVPRAAERRG GRCCPGAQAE 60  
ARAPAGAQTS CPGGPEAGQC QAQPGPETAG WLRPPEATAG FWPSCRGSGAG PEGWGHHP 119

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 360:

- (A) LÄNGE: 187 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 360:

PPEFGWDAAE TDLLLAEEGS GWRGPHGQOV LGLLWRPRRL SKLPAVDHLQ SSPRSLAELG 60  
IQGATEVVHL DIRQGVKAND DPIPRLQTL CMRAKVPPSP PEVGASLQFQ VPVGLGIVRP120  
LAPRDSSFEP QLWLWFLPGL LGSSVLPASR LLVGHRHMVP PAGLSHLQVT ALEPNSARGR180  
STVLFCF 187

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 361:

- (A) LÄNGE: 86 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 361:

STIILGKSRI EFFSRCPTRV GQGPQSR LIN SHRIQTPGKI ALRSQLLSSL YGSRKNSTKM60  
TGHFMSVMPM KPHLLEKPLN QNYLFS 86

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 362:

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 362:

ITKAIVFSFV FSSGYTVEVR ESLILLFGAI IKAMQQPKIK HFGSSQDDMS GDRSCGSHSN60  
NLMGPPEKTG VNVLSFYMQ ELC 83

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 363:

(A) LÄNGE: 117 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 363:

# DE 198 18 620 A 1

YKNDRSSYER HANETPSSGE ALESELSFFL MSSD<sup>2</sup>AASFLI FLKTVCF<sup>2</sup>CGM YICTPNYLAL 60  
GNHSTTQRQL NKEKFNFKYQ VLSNISQTS<sup>2</sup>D FIKGLPANKV HPKYTGEKAR LLQGPRV 117

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 364:

- (A) LÄNGE: 83 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

### (iii) HYPOTHETISCH: ja

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 364:

SCRCFYCMPD MPLTRFWRT<sup>2</sup>P NSPRMTRRHS HVICIFSYQL QIVALLRLPP VQQEMERKHF60  
SFLHTTPLDN WKYFWVITIL GYF 83

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 365:

- (A) LÄNGE: 144 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

### (iii) HYPOTHETISCH: ja

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 365:

QYGPSRVEVE MSYRIANTLG SFLPRLAQSR QQQQNVEDAM KEMQKPLARY IDDEDLDRML 60  
REQEREGDPM ANFIKKNKAK ENKNKKVRPR YSGPAPPPNR FNIWPGYRWD GVDRSNGFEQ120  
KRFARLASKK AVEELAYKWS VEDM 144

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 366:

- (A) LÄNGE: 116 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 366:

KPTKHRCCQH PKKYRYLNPN IRSRIFFCGQ NWHSTSCWSV WAPIISTDNC YHWISRCCLCP 60  
LPQPSHPHSL RKTYPQHSI CRQVPLPSC WQAWQSASVQ IHWICPLRPS DIQARY 116

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 367:

(A) LÄNGE: 160 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 367:

SSENPPNTAA VNTPRSTGTS IQTSGLEYSS VVKTGIIQVA GLCGLQLLAQ TTVTTGYLAA 60  
YAHYHSPATP TASCKLHILN TPFVGKFLHC LLAGKPGKAL LFKSIGSVHS VPAISRFDIK120  
SVGRRCWTTV ARSHFFILVL LGLILLDEVG HRVPLSFLFS 160

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 368:

(A) LÄNGE: 227 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

# DE 198 18 620 A 1

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 368:

WESMNRWYVK PLETSSSKVK AKTIVMIPDS QKLLRCELES LKSQLQAQTK AFEFLNHSVT 60  
MLEKESCLQQ IKIQQLEEV L SPTGRQGEKE EHKWGMEQGR QELYGALTQG LQGLEKTLRD120 5  
SEEMQARATT RCLQLLAQEI RDSKKFLWEE LELVREEVTF IYQKLQAGED EISENLVNIQ180  
KMQKTQVKCR KILTKMKQGG HETAACPETE EIPQEPVAAG RMTSRRN 227

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 369: 10

- (A) LÄNGE: 155 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel 15
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF 20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT: 25

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 369: 30

FIFSLEGSSG RAVPAAQAGG KGGALLLKGG WERSWSESES ESQEGSGGLR HWCPLWPLRL 60  
EALGQAPEHK VRLSMEFCST CTADHISLSS FWRSSFQQPL APAVSLQSPD RRLSHDPAAS120  
WSGFCGISP AFSAFSECSP SSLRSHPPAL GASDR 155 35

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 370: 40

- (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear 45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF 50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT: 55

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 370: 60

DLILLRLELL IDEGHLLPHQ FQLLPQELLA VPDLLGQQLQ AASGAGPLHL LTVTQGLLQP 60  
LKALGQGPIQ LLPALLHAPL VLLLLSLAAC GAQHLEKLLN LDLLQAALLL QHGH 114 65

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 371: 65

# DE 198 18 620 A 1

- (A) LÄNGE: 201 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 371:

```
TASTLRAVFP RPASESPPLR ARSDAEDLTA AMSSNECFKC GRSGHWAREC PTGGGRGRGM 60
RSRGRGFQFV SSSLPDICYR CGESGHLAKD CDLQEDACYN CGRGGHIKAD CKEPKREREQ120
CCYNCGKPGH LARDCDHADE QKCYSCGEFG HIQKDCTKVK CYRCGETGHV AINCSKTSEV180
NCYRCGESGH LARECTIEAT A 201
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 372:

- (A) LÄNGE: 189 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 372:

```
LATAVTVDFT CLAAVDGYMT SFTTPIALHF GAVFLNVSEF STRIAFL LIC MVAVTSQMAW 60
FATVVAALLS LSLGLLAVLG NVATSTAVIA GILLKITILG KMTRLTTAIT NIWKRRGNKL120
ETSATASHST TTASTSRTPF GPVARSSLE ALIAAHGCSQ IFRVGAGPQR RRLGRRPGED180
GSQGRGCLF 189
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 373:

- (A) LÄNGE: 316 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 373:

GGDPVVSSSY RSVGCSEQQK PASSDVVLP TMSYTGfVQg SETTlQSTYS DTSAQPTCDY 60  
GYGTWNSGTN RGYEGYGYGY GYGQDNTNY GYGMATSHSW EMPSSDTNAN TSASGSASAD120  
SVLSRINQRL DMVPHLETDM MQGGVYGSgG ERYDSYESCd SRAVLSErDL YRSGYDYSEL180  
DPEMEMAYEG QYDAYRDQFR MRGNDTFGPR AQGWARDARS GRPMAAGYGR MWEDPMGARG240  
QCMsGASRLA LPLLPEHHPR VRHVPgACEV GAPsRAASRF GFRVWQWHEA DEgGLGRRGp300  
QPICEPRRRR ESRAAF 316

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 374:

(A) LÄNGE: 200 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 374:

IPAAALLTGSi RMPPCFLFFF LVRKSAVVPV FPVRPHLLHA IAKPENQNGK PPGKAPQPRM 60  
PLEHAVLGDD VLGEEGGQAE RHQTCTGPGP PWGLPTCAHS LRPLAGRSgH PGPSVPWDR120  
RCRCHACGTG RGRHRIGFHR PFPSQGQARC SHSLTGTGRA HSGRPSSRRT HKSHtFLHLS180  
RTRLLASCLS PNAAPYLSAG 200

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 375:

(A) LÄNGE: 218 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

# DE 198 18 620 A 1

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 375:

STSHDCVPQA DAAAYSRTAD GETEARGGRG GADLPASPSP RPRLAPPWPV RSTRGARRRR 60  
TARGQAGSSS AMAAQRLLGKR VLSKLQSPSR ARGPGGSPGG LQKRHARVTV KYDRRELQRR120  
LDVEKWIDGR LEELYRGMEA DMPDEINIDE LLELESEEER SRKIQGLLKS CGKPVEDFIQ180  
ELLAKLQGLH RQPLRLQPSR SHDGSLSPLQ DRARTAHP 218

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 376:

- (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 376:

NQLKLKQQAG SFSQEGCKGE NILSFLQGN HCPGVPASGR HNLSKVQGM L ARKGGILDCC 60  
LLSEPSPTPQ PASWCLFSSK LSLPNLSSSE GKRESVPGFS RVGERTGKGT DI 112

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 377:

- (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 377:

VRPEHSLMVL SLDTPTSYLQ FSRRRASGTL GCKPNLGSME ALNPNSQRRS ECIFHHAAAG60  
CWPRFCVFSQ PSEITSFLVA VTNSSWTMTK LIYFPI 96

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 378:

- (A) LÄNGE: 145 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein



# DE 198 18 620 A 1

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 378:

SNRLVASPKK DARVKTFFPS FCREIIALVC QPVVGTTFQK FKGCWLEKEV FWIAASSQNP 60  
LLPHSLPPGV FFPPNSLYLT SLHOKASGNL FRVSVWEKQ QAKAQIFRRE SSYFWPLHVP120  
YSGIVGPDDW HSDSQLWFEW NIRGS 145

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 379:

(A) LÄNGE: 429 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 379:

RQFEITSISV DVWHILEFDY SRLPKQSIGQ FHEGDAYVVK WKFMVSTAVG SRQKGEHSVR 60  
AAGKEKCVYF FWQGRHSTVS EKGTSALMTV ELDEERGAQV QVLQKKEPPC FLQCFQGGMV120  
VHSGRREEEE ENVQSEWRLY CVRGEVPVEG NLEEVACHCS SLRSRTSMVV LNVNKALIYL180  
WHGCKAQAHK KEVGRTAANK IKEQCPLAEG LHSSSKVTIH ECDEGSEPLG FWDALGRRDR240  
KAYDCMLQDP GSFNFAPRLF ILSSSSGDFA ATEFVYPARA PSVVSSMPFL QEDLYSAPQP300  
ALFLVDNHHE VYLWQGWPI ENKITGSARI RWASDRKSAM ETVLQYCKGK NLKKPAPKSY360  
LIHAGLEPLT FTNMFPSWEH REDIAEITEM DTEVSNQITL VEDVLAKLCK TIYPLADLLA420  
RPLPEGSIL 429

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 380:

(A) LÄNGE: 169 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 380:

DVFHEGDLIG NFRVHLCDSL DVLSVLPAGK HIGECQGLQT SVDKVRLLGGW FLEIFSFAYL 60  
EHSLLHRTLPV GGPADAGGTS DLVLDGPPAL PEVHLVVIVN KEKCWLGRAV QIFLQEGHGT120  
DHRGGSGRVH KLCGCKIPRG AAEDQAGRE VKTSRILKHA IVGFVSPS 169

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 381:

(A) LÄNGE: 234 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 381:

GIPSEWLGA FITLVYCDFA ATMQSCFQGT LFLDLVRSGP SDLLRVGLGF ASVPQVDEGL 60  
VDVKHHHGSS GPQAATVTGH FQQIPFHGHL STHAVQPPLT LHIFFFLFPP PRVHHHPLE120  
TLQETGGLLS LENLDLGPPF LVQLHRHQRR RALLTHGGVP ALPEEVDALL FAGCPRVLS180  
LLATSHCRAH HELPLDHIGI PLMELPDALF GEPAIVEFQD VPDHGNAGD LKLP 234

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 382:

(A) LÄNGE: 81 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 382:

# DE 198 18 620 A 1

RLFAPLRTSW AVVIPGARVA LCFYKIMTYV TCLHVCLLVE FLNSQLTNHR KYYFLSYGFW60  
FTGLRGFSEY LWPQQHTQFP S 81

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 383:

- (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 383:

IVNRTTACTL FEVNLEWKAR DYTLEFKIDIC GAHTIYEIVP SKKEKKKIRR SNLEQHCLIK60  
A 61

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 384:

- (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 384:

PPDFFFLFFR GYYFIYCVSP TNVYFKKSIV PGLPFQIHLK ESTCSSPVYN LIEMRK 56

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 385:

- (A) LÄNGE: 139 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 385:

LDSSHCCSCS TALFRTQTTA AAVPRMVIRV YIASSSGSTA IKKKQQDVLG FLEANKIGFE 60  
EKDIAANEEN RKWMRENVPE NSRPATGYPL PPQIFNESQY RGDYDAFFEA RENNAVYAFL120  
GLTAPPGSKE AEVQAKQQA 139

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 386:

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 386:

ETKHILLELL NRCRARGRCN IYTDHHPGNS GCGCLGPEKG CGAAAAMAGI QLGAETAVGR60  
EGWGKVEGEL ARAPPPPLAA STELSKRCSS SPKPR 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 387:

(A) LÄNGE: 96 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 387:

# DE 198 18 620 A 1

FCIHFECLHV KTQLIYYFNI KPI3F1AKLI LLFYKSNQDS FFRMLK7QCL RFMLAALLAL60  
LLPLNQVGLS SLRRHTLHYF LWLQRRHHSP RDTGFH 96

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 388:

- (A) LÄNGE: 221 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 388:

FIMLNIIILIK FSSFESIRCAI LSSVCLNEAI TFAFLQVFL WNMDKYTMIR KLEGHHHDVV 60  
ACDFSPDGAL LATASYDTRV YIWDPHNGDI LMEFGHLFPP PTPIFAGGAN DRWVRSVSFS120  
HDGLHVASLA CDKMHVFWRI DEDYPVQVAP LSNGLCFAFS TDGSVLAAGT HDGSVYFWAT180  
PEQVPSLQHL CFMSIFRVMP TQEVQELPIP SKLLEFLSYR I 221

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 389:

- (A) LÄNGE: 118 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 389:

KGGATCPESP QDRKRRGNLD MEKLYSENEG MASNQGMEN EEQPQDERKP EVTCTLEDKK 60  
LENEGKTENK GKTGD3EMLK DKGKPESEGE AKEGKSEREG ESEMEEVERE GTRGRGSG 118

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 390:

- (A) LÄNGE: 138 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 390:

RFPYLGFPPLS RPPPSLTLPPL SLTFLLLPLP HSLAFLYPLT FPHLLFCPCF LSFPRFLTSC 60  
LPEYKLLALF SRLVAVLHFP SFLGLKPFLH FHC RVFPCR D FPSFSCPAGI LDRLLLLFSF120  
AERWEQQTRR PGRSWTKN 138

#### Patentansprüche

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend
  - a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq ID No. 24–127.
  - b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen oder
  - c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos. 1–127, oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 127, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Blasennormalgewebe erhöht exprimiert sind.
4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 127, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.
8. Ein Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist.
9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4000 bp aufweist.
10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.
13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.
15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.
16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.
18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.
19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.
20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 127 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.
21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.

22. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er ein Phage-Display-Antikörper ist.
23. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID Nos. ORF 128–390.
24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
25. Ein aus einem Phage-Display hervorgegangenen Polypeptid, welches an die Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 24 binden kann. 5
26. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
27. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 128–390, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Blasentumor.
28. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 127 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Blasentumor verwendet werden können. 10
29. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 127 in sense oder antisense Form.
30. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 128–390 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Blasentumors.
31. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 128–390, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Blasentumor. 15
32. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 128–390.
33. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.
34. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist. 20
35. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 127.
36. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 33, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.
37. Verwendung gemäß Anspruch 34, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/oder Enhancer ist. 25
38. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 300 bis 3500 bp aufweist.

---

Hierzu 10 Seite(n) Zeichnungen

---

30

35

40

45

50

55

60

65

- Leerseite -



# Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Daten- bank

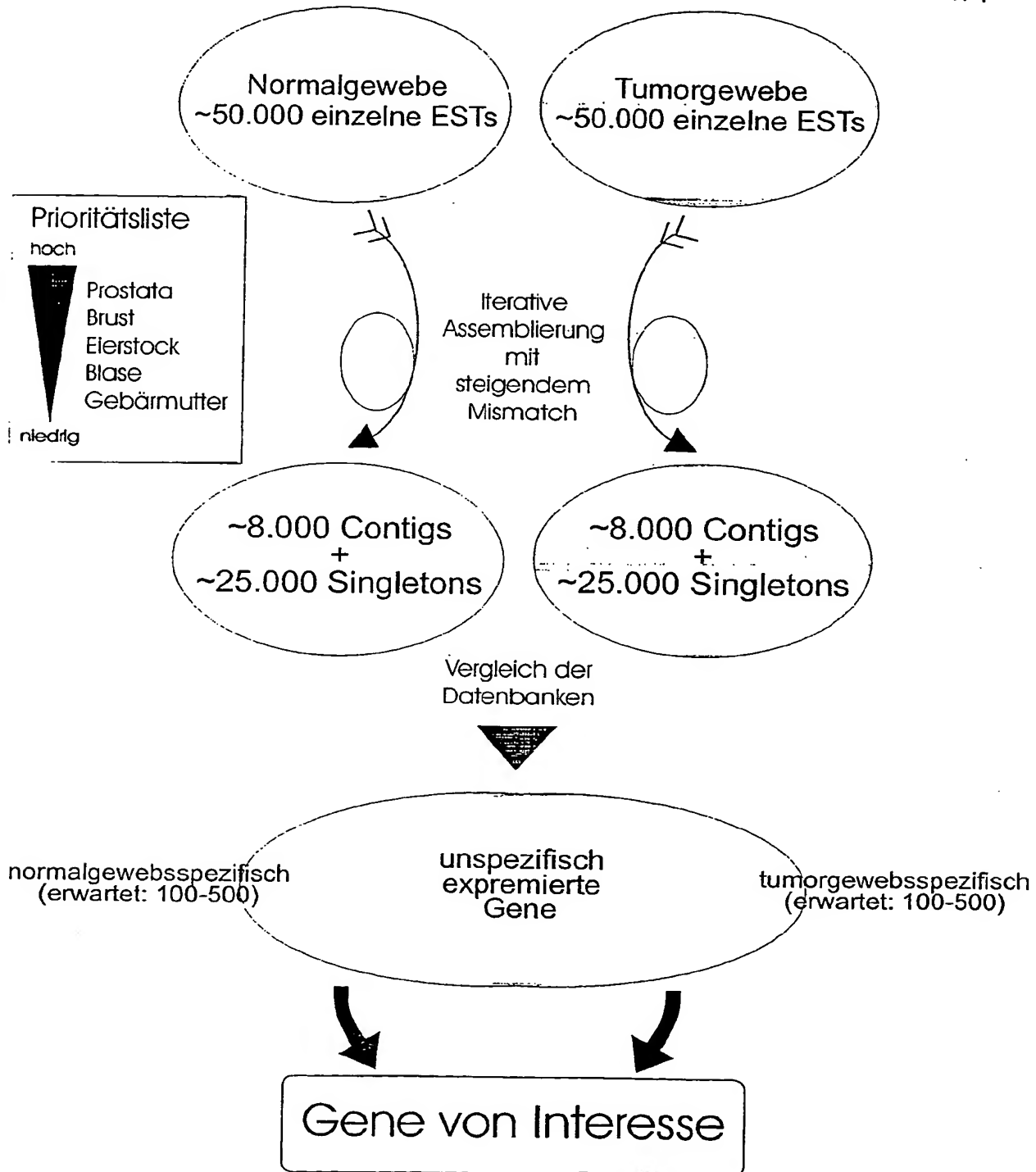


Fig. 1

# Prinzip der EST-Assemblierung

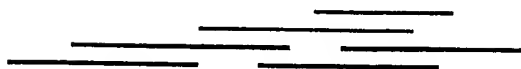
~50.000 ESTs pro Gewebe



Assemblierung bei 0% Mismatch  
mit GAP4 (Staden)



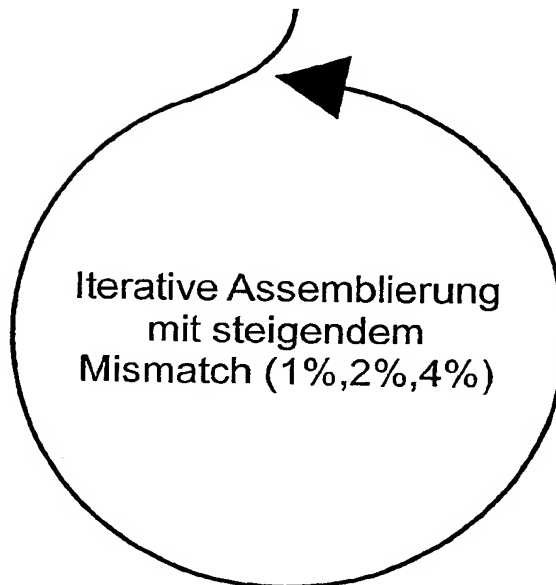
Contigs



Singletons



In Anzahl und Länge  
zunehmende Contigs



Iterative Assemblierung  
mit steigendem  
Mismatch (1%, 2%, 4%)

5000-6000 Contigs ~25.000 übrige Singletons



~30.000 Konsensus-  
sequenzen pro Gewebe

Fig. 2a

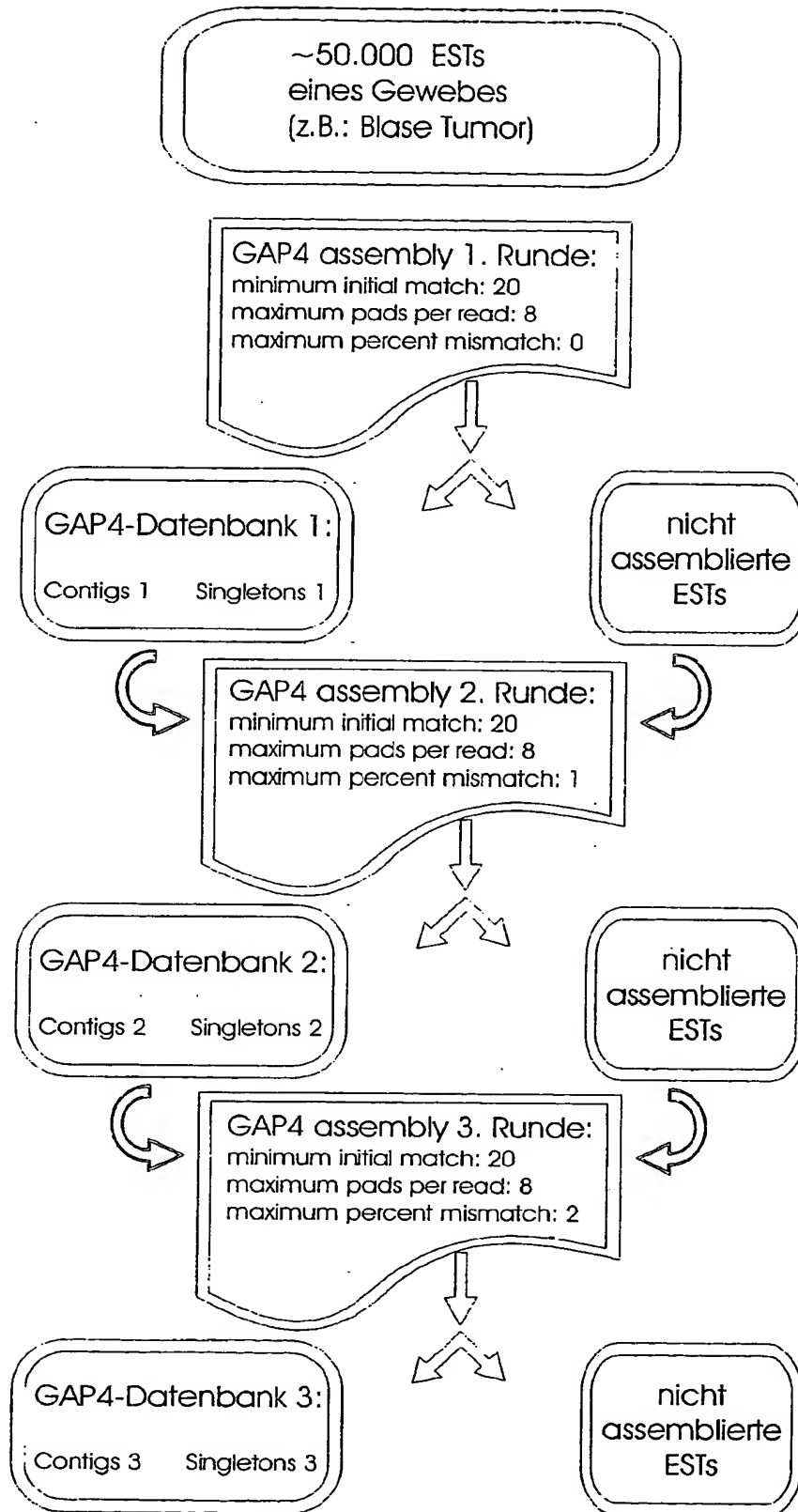


Fig. 2b1

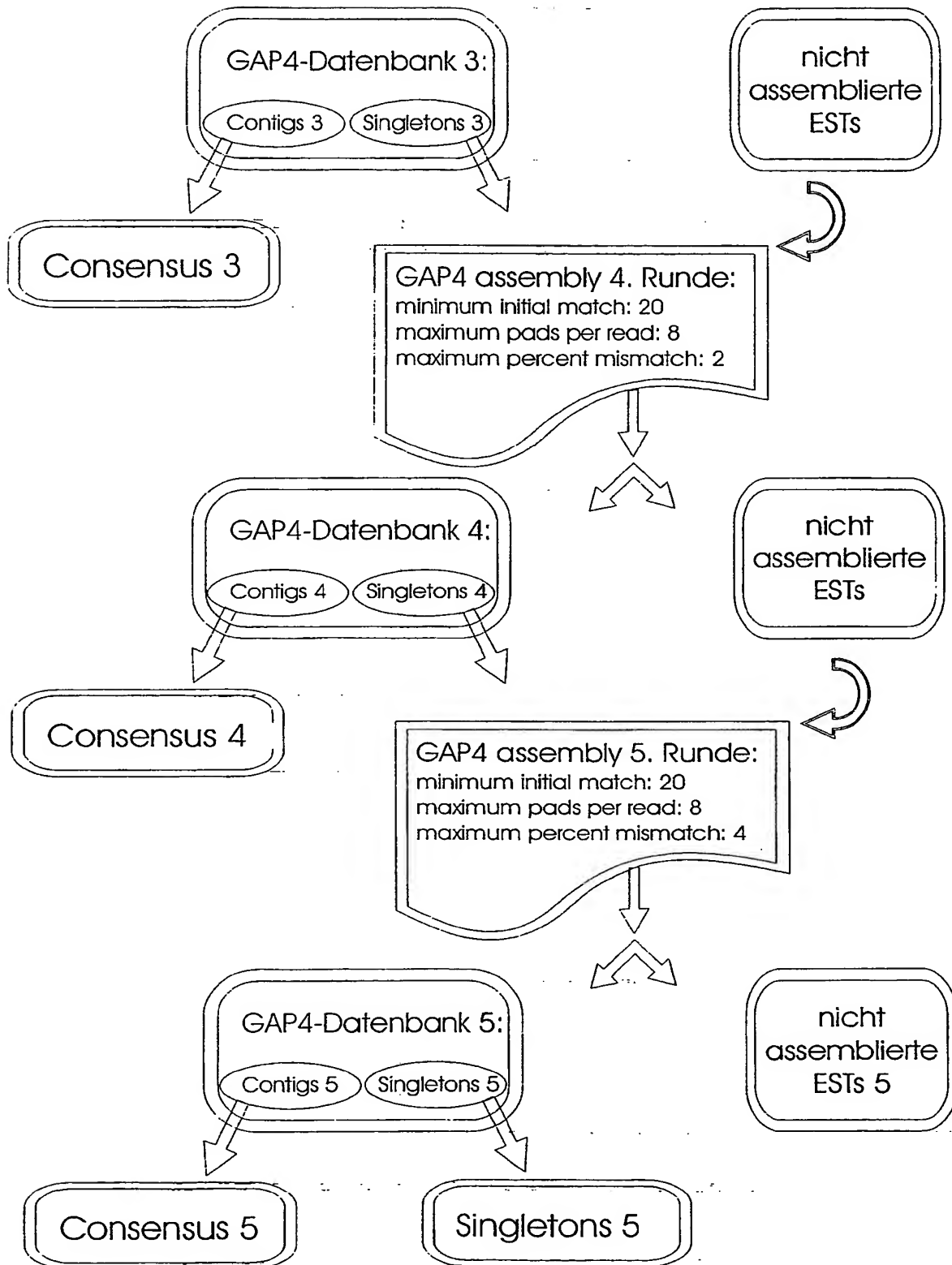


Fig. 2b2

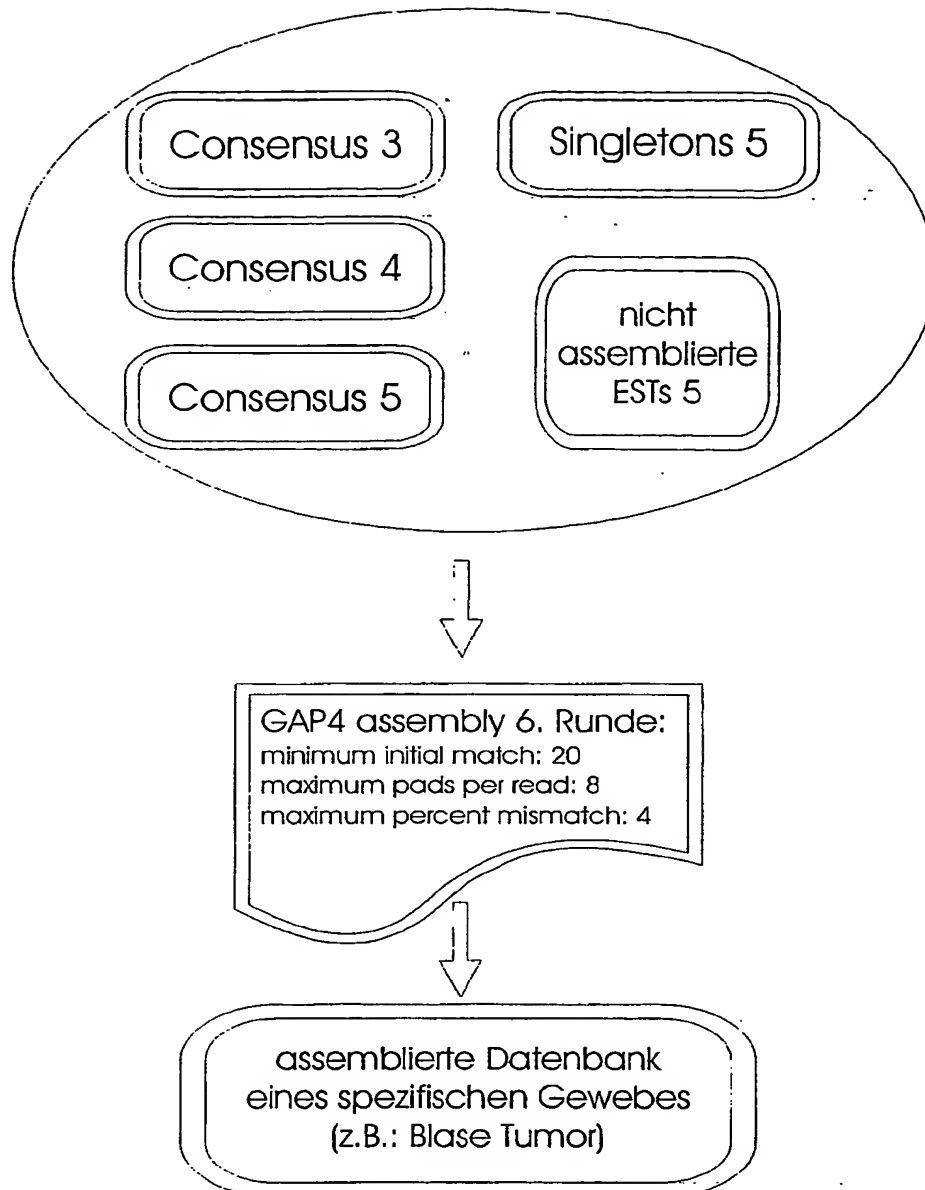


Fig. 2b3

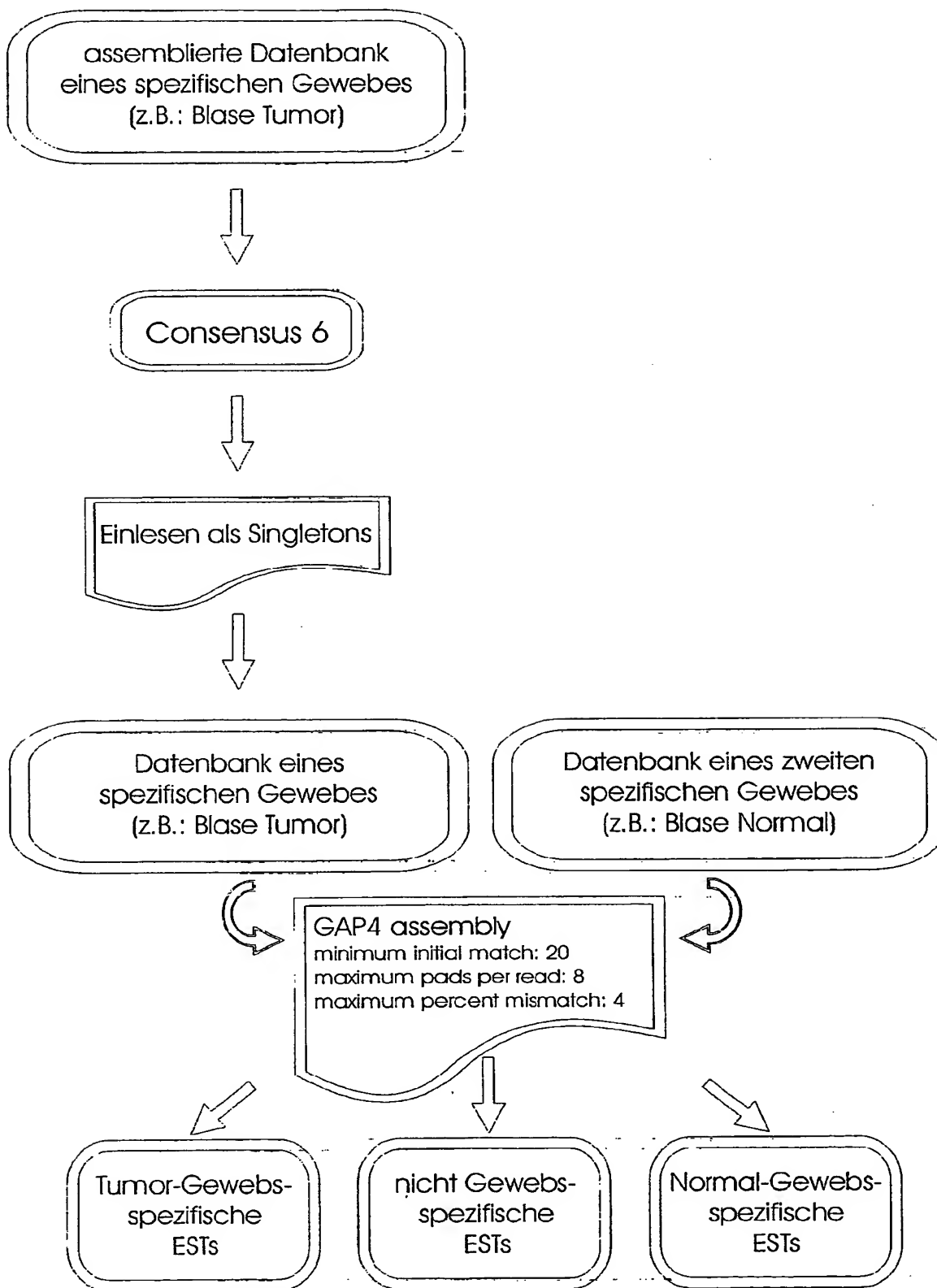


Fig. 2b4

# In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

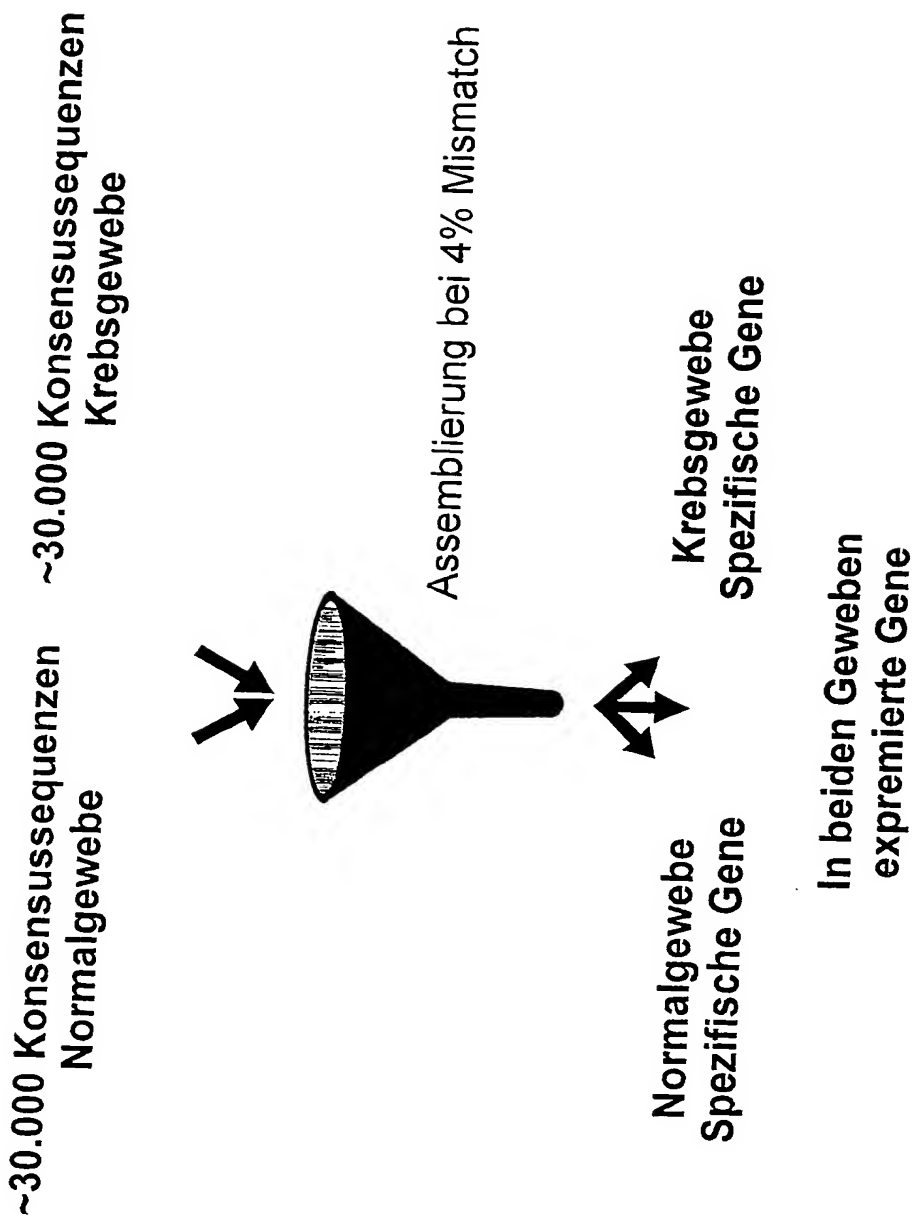
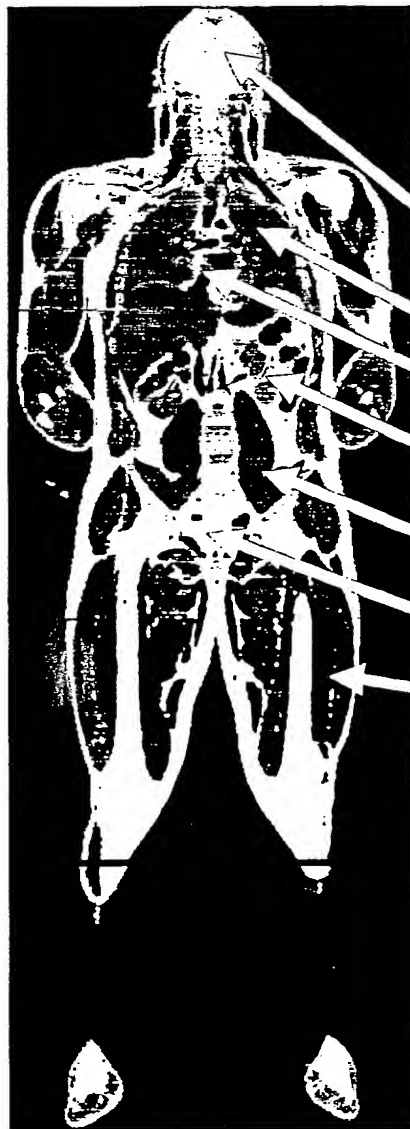


Fig. 3



Gene von Interesse



Bestimmung der  
gewebsspezifischen  
Expression über  
elektronischen Northern  
( INCYTE LifeSeq und  
öffentliche EST  
Datenbanken)



Kandidatengene für  
Tumorsuppressoren oder  
Tumoraktivatoren

Fig. 4a



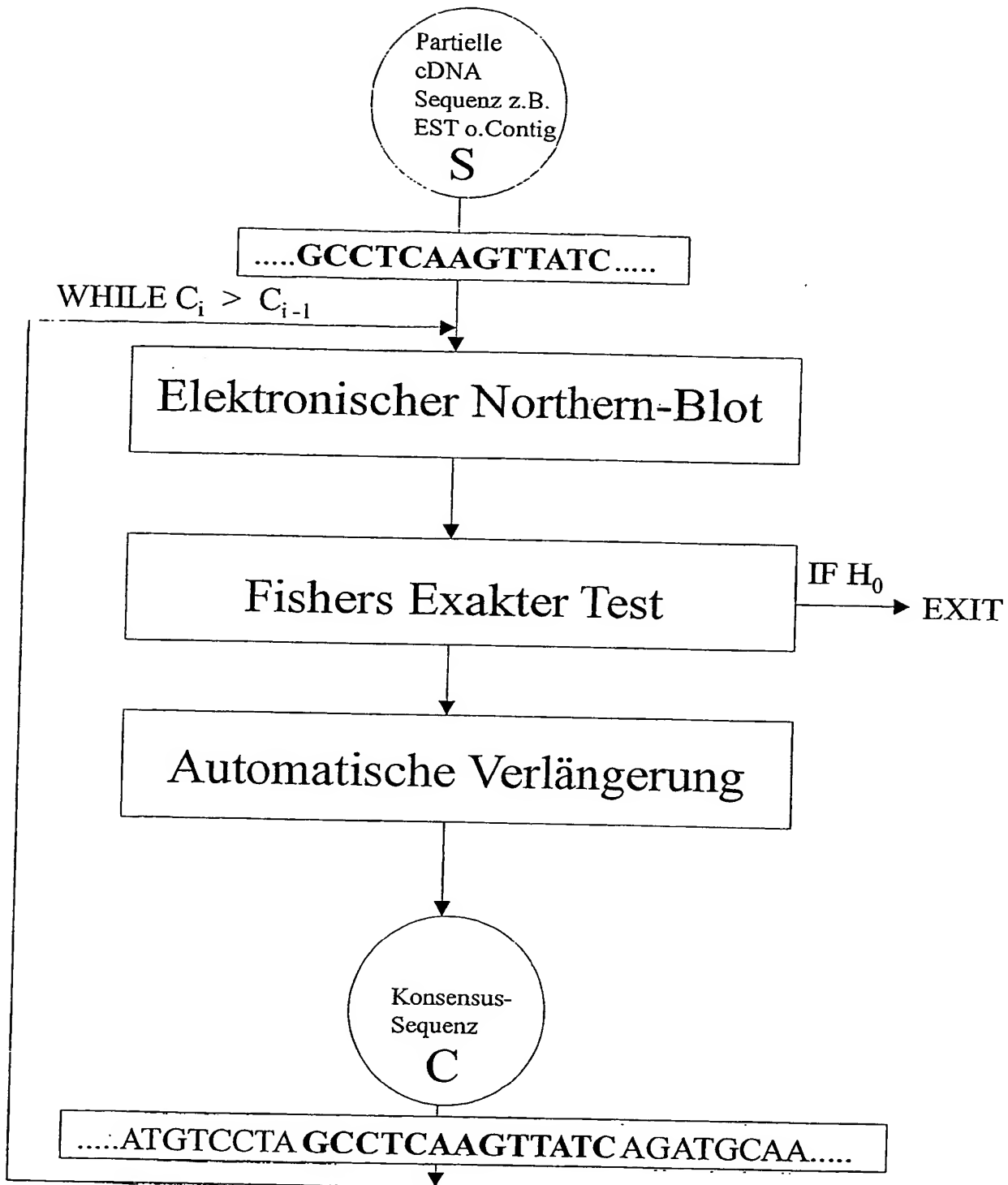


Fig. 4b

Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen



Chromosomale Klon-Lokalisation über FISH



Hybridisierungssignal



Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomale Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen



Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben

Fig. 5